

UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET

Anika R. Kovinčić

AGRO-MORFOLOŠKA KARAKTERIZACIJA I
PROCENA GENETIČKE UNIFORMNOSTI
INBRED LINIJA KUKURUZA

doktorska disertacija

Beograd, 2025

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE

Anika R. Kovinčić

AGRO-MORPHOLOGICAL
CHARACTERIZATION AND GENETIC
UNIFORMITY ASSESSMENT OF MAIZE
INBRED LINES

Doctoral Dissertation

Belgrade, 2025

UNIVERZITET U BEOGRADU
Poljoprivredni fakultet

Mentori:

Dr Tomislav Živanović, redovni profesor,
Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu,
UNO Genetika

Dr Ksenija Marković, viši naučni saradnik,
Institut za kukuruz “Zemun Polje”,
UNO Biotehničke nauke-poljoprivreda

Članovi komisije:

Dr Slaven Prodanović, redovni profesor,
Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu
UNO Oplemenjivanje biljaka

Dr Irena Radinović, docent,
Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu
UNO Genetika i oplemenjivanje biljaka

Dr Natalija Kravić, naučni savetnik,
Institut za kukuruz “Zemun Polje”,
UNO Genetika i oplemenjivanje biljaka

Datum odbrane doktorske disertacije: _____

ZAHVALNICA

Zahvaljujem se naučnoj ustanovi **Institutu za kukuruz „Zemun Polje“** na ukazanom poverenju i omogućenim uslovima za izradu doktorske disertacije.

Veliku zahvalnost dugujem mentorima **dr. Tomislavu Živanoviću**, redovnom profesoru Poljoprivrednog fakulteta u Zemunu i **dr. Kseniji Marković** višem naučnom saradniku Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ na odabiru teme, korisnim savetima i strpljenju.

Zahvaljujem se naučnom savetniku **dr. Nataliji Kravić**, rukovodiocu grupe Banka gena, Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ na svesrdnoj podršci i pomoći u statističkoj obradi i tumačenju rezultata dobijenih tokom izvođenja eksperimentalnog dela disertacije u uslovima polja.

Zahvaljujem se naučnom savetniku **dr. Danijeli Ristić** iz Laboratorije za molekularnu genetiku i fiziologiju Instituta za kukuruza „Zemun Polje“ na rukovođenju eksperimentalnim delom doktorske disertacije vezanim za molekularne markere, obuci u laboratorijskom radu i pomoći pri obradi i interpretaciji rezultata.

Dr. Vladimiru Perišiću višem naučnom saradniku Instituta za povrtarstvo se zahvaljujem na obradi podataka i pomoći pri tumačenju rezultata AMMI analize u oceni stabilnosti za prinos analiziranih genotipova.

Zahvaljuem se **dr. Filipu Andriću**, vanrednom profesoru Hemijskog fakulteta na statističkoj obradi podataka primenom multivarijacione PC analize.

Zahvalnost dugujem kolegama **Odeljenja za transfer tehnologija** koji su mi nesebično pomogli u realizaciji eksperimentalnog dela teze.

Zahvaljujem se svima koji su me svesrdno podržali i na bilo koji način doprineli realizaciji doktorske disertacije.

Najveću zahvalnost dugujem svojoj porodici, **majci Novki, suprugu Ivanu, sinu Bogdanu, sestrama Jeleni i Mariji** i svojim voljenim prijateljima koji su mi sve vreme pružali nesebičnu ljubav i podršku.

AGRO-MORFOLOŠKA KARAKTERIZACIJA I PROCENA GENETIČKE UNIFORMNOSTI INBRED LINIJA KUKURUZA

Sažetak

Inbred linije su veoma podložne uticaju faktora spoljašnje sredine, te je poznavanje njihove *per se* performanse za planirano područje gajenja izuzetno važno. Pored praćenja fenotipskih osobina, provera genetičke uniformnosti je neophodna. Samo inbred linije visokog procenta homozigotnosti mogu biti komponente komercijalnog hibrida kukuruza.

U cilju procene fenotipske i genetičke uniformnosti odabran je set od 15 inbred linija kukuruza (G1–G15) Instituta za kukuruz „Zemun Polje“. Genotipovi su standardnog kvaliteta zrna, različite genetičke osnove, od srednje ranih do kasnih grupa zrenja (FAO 300–700). Od ukupnog broja linija, 11 su komponente priznatih hibrida, a četiri su se pokazale perspektivnim nakon testiranja opšte i posebne kombinacione sposobnosti.

U trogodišnjem ogledu u uslovima polja, agro-morfološka karakterizacija genotipova je rađena po UPOV deskriptoru praćenjem kvalitativnih (QL), kvantitativnih (QN) i pseudokvalitativnih (PQ) osobina. Genotipovi su okarakterisani praćenjem 32 osobine, metrički ili vizuelno ocenjenih. Fenotipska uniformnost je procenjena na osnovu vizuelnih ocena primenom *Off-type* pristupa.

Za ispitivanje genetičke uniformnosti je primenjeno Ultra Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje (UTLIEF) rezervnih proteina (albumina i globulina) i osam SSR markera prepisanih od strane ISTA za verifikaciju genotipova kukuruza. Za svaki genotip, isti uzorak semena je korišćen za testiranje u uslovima polja i za laboratorijsku analizu.

Četvorofaktorijalna analiza varijanse (ANOVA) je pokazala da su izvori variranja (genotip, godina, gustina, rok i njihove interakcije) bili statistički značajni za najveći broj analiziranih osobina. Za faktore godina i genotip, analizom glavnih komponentata (PCA) je utvrđeno da su se osobine rast biljke, osobine metlice i karakteristike zrna pokazale najdiskriminativnijim u proceni varijabilnosti evaluiranih inbred linija kukuruza.

Primenom AMMI modela, analiza varijanse predstavljena po roku setve (R1 i R2), je pokazala da su svi izvori variranja (genotip, tretman – gustina setve, godina, kao i njihova interakcija) značajno uticali na prinos zrna ($p < 0,01$). U prvom setvenom roku na obe gustine, najbolju performansu u pogledu stabilnosti i visine prinosa koji je premašivao opšti prosek, izdvojili su se genotipovi G5 i G6 (FAO 400), kao i G8 (FAO 500). U drugom setvenom roku po istom kriterijumu izdvojila se linija G12 (FAO 600). Navedeni genotipovi se mogu smatrati pogodnim za gajenje u širem agro-ekološkom arealu. Takođe je utvrđeno da je faktor godina uticao na korelisanost i statističku značajnost fenotipskih osobina.

Morfološkim markerima ustanovljeno je odstupanje od uniformnosti jedino u slučaju linija G1 i G2 (FAO 300), što je potvrđeno i biohemijskim i SSR markerima. Pored upotrebe za verifikaciju sorti kukuruza, sposobnost parova prajmera *phi* 102228 i *umc*1545 da detektuju nespecifične trake (tj. off-tipove), snažno podržava preporuku upotrebe ovih SSR markera za tačniju i vremenski efikasniju procenu genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza.

Ključne reči: genetički markeri, gustina setve, inbred linije, kukuruz, rok setve, stabilnost, uniformnost.

Naučna oblast: Biotehničke nauke

Uža naučna oblast: Ratarstvo i povrtarstvo

UDK: 633.15:631.527.5]:575.222(043.3)

AGRO-MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION AND GENETIC UNIFORMITY ASSESSMENT OF MAIZE INBRED LINES

Abstract

Inbred lines are very susceptible to the influence of environmental factors, so knowing their *per se* performance for the certain growing area is extremely important. In addition to monitoring phenotypic traits, checking genetic uniformity is essential. Only inbred lines with a high percentage of homozygosity can be components of a commercial maize hybrid.

A set of 15 maize inbred lines (G1–G15) developed at the Maize Research Institute "Zemun Polje" were selected in order to assess the phenotypic and genetic uniformity. Standard grain quality genotypes belongs to different heterotic and maturity groups, from mid-early to late (FAO 300–700). Of the total number of lines, 11 are components of registered hybrids, and four proved to be promising after testing general and specific combining ability.

In a three-year field trial, the agro-morphological characterization of genotypes was done according to the UPOV descriptor by monitoring qualitative (QL), quantitative (QN) and pseudo-qualitative (PQ) traits. Genotypes were characterized by monitoring 32 traits, metrically or visually assessed. Phenotypic uniformity was assessed based on visual evaluations using the Off-type approach.

The Ultrathin-layer Isoelectric Focusing (UTLIEF) of reserve proteins (albumin and globulin) and eight SSR markers prescribed by ISTA for verification of maize genotypes was used for genetic uniformity testing. For each genotype, the same seed sample was used for testing under field conditions and for laboratory analysis.

A four-factor analysis of variance (ANOVA) showed that the sources of variation (genotype, year, plant density, sowing date and their interactions) were statistically significant for the largest number of analyzed traits. For the factors of year and genotype, principal components analysis (PCA) determined that plant growth traits, tassel traits and grain characteristics proved to be the most discriminating in evaluating the variability of tested maize inbred lines.

Using the AMMI model, analysis of variance presented by sowing date (R1 and R2), showed that all sources of variation (genotype, treatment – sowing density, year, and their interaction) significantly affected grain yield ($p < 0.01$). In the first sowing date at both densities, the best performance in terms of stability and yield which exceeded the general average, was achieved by genotypes G5 and G6 (FAO 400), as well as G8 (FAO 500). In the second sowing date at both densities, pronounced stability and yield above the general average had a line G12 (FAO 600). The mentioned genotypes can be considered suitable for cultivation in a wider agro-ecological area. It was also found that the factor year affected the correlation and statistical significance of phenotypic traits.

Morphological markers established deviation from uniformity only in the case of lines G1 and G2 (FAO 300), which was confirmed by biochemical and SSR markers. Beside theirs use for verifying varieties of maize, report on *phi* 102228 and *umc*1545 primer pairs ability to detect non-specific bands (i.e., off-types), strongly supports the recommendation of these SSR markers use for more accurate and time-efficient maize inbred lines genetic uniformity testing.

Key words: genetic markers, sowing density, inbred lines, maize, sowing dates, stability, uniformity.

Scientific field: Biotechnical sciences

Scientific subfield: Field and Vegetable Crops

UDK: 633.15:631.527.5]:575.222(043.3)

SADRŽAJ

I UVOD	1
II CILJ ISTRAŽIVANJA	3
III PREGLED LITERATURE	4
3.1. Poreklo i istorijat gajenja kukuruza.....	4
3.2. Privredni značaj kukuruza	4
3.3. Stvaranje inbred linija i hibrida kukuruza	5
3.4. Uniformnost, stabilnost i interakcija	5
3.5. Faktori koji utiču na prinos kukuruza.....	7
3.5.1. Uticaj gustine setve na prinos	8
3.5.2. Uticaj roka setve na prinos	10
3.6. Kvalitet semena i kontrola genetičke čistoće	11
3.7. Genetički markeri	12
3.7.1. Morfološki markeri	12
3.7.2. Biohemijski markeri	13
3.7.3. Molekularni (DNK) markeri	13
3.7.4. PCR molekularni markeri	14
IV RADNA HIPOTEZA.....	16
V MATERIJAL I METODE RADA.....	17
5.1. Biljni materijal.....	17
5.2. Agrometeorološki uslovi	17
5.2.1. Agrometeorološki uslovi 2016. godine.....	17
5.2.2. Agrometeorološki uslovi 2017. godine.....	18
5.2.3. Agrometeorološki uslovi 2018. godine.....	19
5.3. Dizajn poljskih ogleda.....	21
5.4. Agro-morfološka karakterizacija i procena uniformnosti po UPOV deskriptoru	21
5.5. Procena genetičke uniformnosti proteinskim markerima.....	23
5.5.1. Priprema uzoraka	23
5.5.2. Ultra-Tankoslojno Izoelektrično Fokuseranje (UTLIEF)	23
5.5.3. Čitanje gelova i prikaz rezultata	24
5.6. Procena genetičke uniformnosti SSR markerima.....	24
5.6.1. Izolacija DNK molekula	24
5.6.2. Amplifikacija DNK	25
5.6.3. Poliakrilamidna elektroforeza.....	25
5.7. Statistička analiza fenotipskih podataka.....	26

VI REZULTATI I DISKUSIJA.....	27
6.1. Agro–morfološka karakterizacija	27
6.1.1. Analiza varijanse za morfološke osobine	27
6.1.2. Trend promena morfoloških osobina.....	34
6.1.3. Analiza varijanse komponenata prinosa i prinosa inbred linija kukuruza.....	41
6.1.4. Trend promena komponenata prinosa i prinosa.....	47
6.1.5. Uticaj roka i gustine setve na visinu prinosa po godini istraživanja.....	53
6.1.6. Uticaj perioda između metličanja i svilanja (ASI - <i>Anthesis Silking Interval</i>) na prinos zrna po biljci inbred linija kukuruza	55
6.1.7. Analiza glavnih komponenata (PCA – <i>Principal Component Analysis</i>).....	58
6.1.8. AMMI model procene stabilnosti prinosa inbred linija kukuruza.....	61
6.1.9. Fenotipske korelacije	65
6.2. Procena uniformnosti inbred linija kukuruza	68
6.2.1. Procena fenotipske uniformnosti po UPOV deskriptoru	69
6.2.2. Procena genetičke uniformnosti proteinskim markerima	71
6.2.3. Procena genetičke uniformnosti SSR markerima	74
VII ZAKLJUČAK.....	77
VIII LITERATURA	80
IX BIOGRAFIJA	103
Izjava o autorstvu	104
Izjava o istovetnosti štampane i elektronske verzije doktorskog rada	105
Izjava o korišćenju	106

I

UVOD

Kukuruz (*Zea mays*, L.; $2n = 20$) je biljna vrsta koja se gaji oko 9000 godina. Danas uspeva na gotovo svim kontinentima zahvaljujući velikoj genetičkoj varijabilnosti (od 58°S do 55°J g. š.), (Liu i sar., 2020; Prasanna i sar., 2020). Svetska proizvodnja kukuruza porasla je sa 269 miliona tona na 1,147 miliona tona u poslednjih pola veka. Poslednjih decenija sve veći značaj dobija u proizvodnji hrane i industrijskih proizvoda. Očekuje se da će u do 2025. godini kukuruz biti najzastupljenija gajena biljna vrsta u zemljama u razvoju i da će mu se potražnja udvostručiti do 2050. (Sandhu i Dhillon, 2021). Prema zasejanim površinama i prinosu po hektaru, kukuruz u Republici Srbiji predstavlja glavnu ratarsku biljnu vrstu. Kukuruz se u Republici Srbiji u 2022. godini gajio na 952.216 ha sa ukupnom godišnjom proizvodnjom od 4.283.293 t i prinosom od 4,5 t ha⁻¹ (Statistički godišnjak Srbije 2023). Prema Babić i sar. (2016) semenska proizvodnja kukuruza se godišnje odvija na 5-10 hiljada ha.

U procesu selekcije kontrolisanom samooplodnom odabranih genotipova kukuruza kroz 8 do 10 generacija, dobijaju se inbred linije sa visokim procentom homozigotnosti. Jedan od najznačajnijih ciljeva oplemenjivanja je stvaranje visoko adaptabilnih genotipova koji će obezbediti visok i stabilan prinos bez obzira na promenljive uslove spoljašnje sredine (Filipović i sar., 2015). Potvrda genetičkog identiteta, praćenje interakcijskih odnosa genotip (G) × spoljašnja sredina (E) i uvođenje hibrida u komercijalnu proizvodnju su veoma važni segmenti u oplemenjivanju. Inbred linije za razliku od hibrida su podložne interakcijskom uticaju G × E, te je zato poznavanje njihovih performansi za planirano područje gajenja izuzetno važno (Begna, 2022). Evaluacija agro-morfoloških osobina inbred linija kukuruza u specifičnim uslovima okruženja, pruža korisne informacije za njihovo dalje umnožavanje u semenskoj proizvodnji. Opisivanje na fenotipskom nivou podrazumeva korišćenje deskriptora koji obezbeđuje uputstva za standardizovani opis genotipova. Deskriptor za kukuruz koji je objavila Međunarodna zajednica za zaštitu novih biljnih sorti (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*, UPOV) je jedna od smernica za morfološke deskriptore u cilju standardizacije morfološkog opisa kukuruza (Law i sar., 2011). Ispitivane osobine po deskriptoru se dele na kvalitativne (diskontinualne), kvantitativne (kontinualne) i pseudo-kvalitativne (delimično kontinualne), u zavisnosti da li se opisuju ili mere, odnosno na koji način se nasleđuju. Većina osobina od značaja kod kukuruza su upravo kvantitativne osobine. Ispoljavanje ovih osobina je visoko uslovljeno dejstvom faktora spoljašnje sredine, a ujedno i fazom razvika biljke.

Svako prevazilaženje standarda po kvalitativnim i kvantitativnim osobinama, i stvaranje novih genotipova koji se razlikuju makar u jednoj osobini od postojećih, mogu biti priznati kao nova sorta ili hibrid. Od presudnog značaja za proizvodnju kukuruza je kvalitetno seme, jer bez njega nema ni kvalitetnog merkantilnog zrna. To znači da seme mora biti zdravo, fiziološki zrelo i genetički čisto (De Geus i sar., 2008). Ove zahteve moguće je ostvariti samo odstranjivanjem svih nepoželjnih primesa i semena lošijeg kvaliteta. U procesu umnožavanja semena kontrolom semenskog useva u polju, mora se očuvati autentičnost sorte. Što je kategorija semena koju treba proizvesti viša, utoliko su kriterijumi strožiji. Da bi kriterijum bio zadovoljen, potrebno je imati dobro organizovan sistem sertifikacije semena koji podrazumeva poljski pregled useva tokom vegetacionog perioda, kao i laboratorijsko ispitivanje kvaliteta semena, gde oba pokazatelja uslovljavaju deklarisanje, kao osnov za plasman semena na tržište. Uspeh proizvodnje semena hibrida kukuruza zavisi od genetičke čistoće inbred linija. Kontrola genetičke čistoće podrazumeva kontrolu semena hibrida i njihovih komponenata. Shodno Zakonu o semenu Republike Srbije iz 2005. godine samooplodne linije kukuruza moraju biti 99,9% genetički čiste.

Izbor metode/markera za procenu genetičke čistoće zavisi od njihove sposobnosti identifikacije genotipa, ponovljivosti, tehničke složenosti, cene i vremena potrebnog za izvođenje eksperimenta. Za procenu genetičke čistoće se najčešće koriste morfološki, biohemijski i molekularni markeri. Nedovoljno istražen mehanizam genetičke kontrole i jako izražen uticaj faktora spoljašnje sredine na

ispoljavanje osobina, kategorišu morfološke markere kao nedovoljno pouzdane. Bez obzira na ovu činjenicu, praćenje morfoloških osobina je i dalje neophodno za procenu agronomske vrednosti (Ortiz i sr., 2008).

Napredak molekularne genetike oplemenjivačima biljaka je pružio brze i moćnije alternativne pristupe koji mogu u velikoj meri zameniti morfološka ispitivanja. Proteinski tj. biohemijski markeri i DNK-zasnovani molekularni markeri su korisni za identifikaciju genotipova i ocenu genetičke čistoće (Suranto 2002). Ove laboratorijske metode su brze, kontrolisane, pouzdane i ponovljive. Elektroforeza rezervnih proteina (albumina i prolamina) je biohemijska tehnika kojom se genetička čistoća može utvrditi mnogo brže nego gajenjem biljaka i proučavanjem njihovog fenotipa (Macharis, 2011). Danas se najčešće koriste DNA markeri za procenu genetičke čistoće jer su pokazali niz prednosti u odnosu na morfološke i biohemijske markere.

Morfološka karakterizacija, kao osnova, u kombinaciji sa biohemijskim i molekularnim markerima, olakšava identifikaciju i deskripciju agronomski važnih osobina i pruža veću mogućnost definisanja (tj. *fingerprinting*-a) genetičkog profila.

II

CILJ ISTRAŽIVANJA

Osnovni ciljevi ove doktorske disertacije su:

- Fenotipska evaluacija i procena uniformnosti i stabilnosti inbred linija kukuruza Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ na osnovu UPOV markera.
- Proučavanje uticaja različitog roka i gustine setve i njihove interakcije na prinos i komponente prinosa inbred linija kukuruza, kao najznačajnijih agronomskih osobina.
- Procena genetičke homozigotnosti odabranih inbred linija biohemijskim i molekularnim SSR markerima.
- Davanje preporuke za primenu odgovarajućih agrotehničkih mera i odabir inbred linija kukuruza odgovarajuće FAO grupe zrenja za semensku proizvodnju, na osnovu njihove performanse i ostvarenog prinosa kroz višegodišnje testiranje u različitim agro-ekološkim uslovima.

III

PREGLED LITERATURE

3.1. Poreklo i istorijat gajenja kukuruza

Na osnovu botaničkih, ekoloških i arheoloških istraživanja smatra se da je kukuruz nastao domestikacijom svog divljeg srodnika, jednogodišnje teozinte (*Zea mays* spp. *parviglumis*), endemita nizijskih predela jugozapadnog dela Meksika (Beadle, 1939; Mangelsdorf, 1986). Kukuruz je domestikovan u Centralnoj Americi pre oko 9000 godina (Ranere i sar., 2009). Arheološki dokazi pokazuju da su drevne meksičke civilizacije Maja, Asteka i Olmeka zavisile od kukuruza kao osnove njihove ishrane i da je bio njihov najcenjeniji usev. Nakon otkrića Novog Sveta, gajenje kukuruza se širilo do Severne Amerike i Kanade, kao i prema Južnoj Americi do Čilea. Razvio se veliki broj tipova i varijeteta koji su bili prilagođeni različitim namenama i ekološkim uslovima (Mastuoka i sar., 2002). Kolumbo je četrnaestog marta 1493. godine doneo kukuruz sa Karipskih ostrva u Evropu na jug Španije (Hohlačev po Bekriću 1997). Kasnije dolazi do introdukcije kukuruza iz različitih delova Amerike (Brandolini, 1970; Rebourg i sar., 2003). Putem prirodne selekcije i oplemenjivanja nastaje veliki broj lokalnih populacija prilagođenih različitim ekološkim uslovima Evrope (Camus-Kulandaivelu i sar., 2006). U nastanku evropskih sorti kukuruza ključnu ulogu imala je introdukcija tvrdunaca iz Srednje Amerike. Nakon Drugog svetskog rata bitno se menja način gajenja kukuruza uvođenjem hibridnih varijeteta. Veliki broj sorata biva zamenjen manjim brojem visokoprinosnih hirbrida (Bertolini i sar., 1998).

Kukuruz je stizao na prostore bivše Jugoslavije iz različitih pravaca, Severne Amerike, Južne Amerike i Meksika, a njihova introdukcija je trajala od XVI do XX veka. Prvi zapisi govore o uvođenju kukuruza u naše krajeve preko Turske i Grčke ili preko Venecije duž Jadranske obale (Zonjić po Pavličiću i Trifunoviću, 1966). Radić (1872) beleži prvo pojavljivanje kukuruza 1572. na prostoru bivše Jugoslavije u Dalmaciji, a nešto kasnije 1576. u Srbiji. Prve introdukovane sorte su pretežno bile tvrdunci, a drugom introdukcijom tvrdunaca sa padina Anda i Meksičke visoravni negde u XVI veku nastaju bolje adaptirane sorte veće varijabilnosti. Dva veka kasnije dešava se jači talas introdukcije tvrdunaca iz Kanade i Nove Engleske u centralnu Evropu, a u naše krajeve preko Slovenije i Hrvatske što doprinosi stvaranju ranijih tipova kukuruza koji uspevaju u nešto hladnijim uslovima. Poslednja introdukcija, četvrta po redu, desila se krajem XIX veka introdukovanjem zubana iz Severne Amerike. Sorte iz američkog kukuruznog pojasa su bile najproduktivnije i vrlo brzo su potisnule manje produktivne tvrdunce. Mešanjem novih populacija zubana sa postojećim nastao je tip evropskog kukuruznog pojasa, što je bila poslednja veća prirodna hibridizacija značajna za evoluciju kukuruza u Evropi (Trifunović, 1978). Prvi hibridi na prostorima bivše Jugoslavije uvode se 1953. godine, te tako lokalne samooprašujuće sorte gube na značaju.

3.2. Privredni značaj kukuruza

Jednogodišnja zeljasta biljka kukuruz – *Zea mays* L., pripada familiji *Poaceae* (*Gramineae*) podfamiliji *Panicoideae* (prosolika), grupi *Maydeae* koja obuhvata osam rodova. Najpoznatiji je rod *Zea* i ima samo jednu gajenu vrstu *Zea mays* L. koja je skoro najvarijabilnija od svih biljnih vrsta. Zahvaljujući velikoj genetičkoj varijabilnosti, kukuruz se gaji na svim kontinentima izuzev Antartika. Rast proizvodnje kukuruza je oko 2,2% godišnje na globalnom nivou, a prosečno povećanje prinosa 1,5%, uglavnom kroz povećanje žetvenih površina od 0,9% godišnje (Fischer i sar., 2014). Po zasejanim površinama u svetu, kukuruz se nalazi iza pšenice i ispred pirinča. Na globalnom nivou zauzima površinu veću od 197 miliona ha, sa proizvodnjom od 1137 miliona tona, što čini oko 50% globalne proizvodnje žita (FAOStat, 2021). Najveći proizvođači kukuruza u svetu su SAD, Kina, Brazil i Argentina, koje obezbeđuju 2/3 ukupne svetske proizvodnje. Kukuruz je jedan od najznačajnijih useva zemalja Evropske unije i čini 21% ukupne proizvodnje žita (Krol-Badziak i sar.,

2021). U Srbiji je kukuruz najznačajnije žito koja je u poslednjoj deceniji zasejano i požnjeveno na oko 1,15 miliona hektara sa prosečnim prinosom od 5300 kg ha⁻¹ a i prosečnom ukupnom proizvodnjom od 5,7 miliona tona (Đoković i sar., 2019).

Kukuruz je višenamensko žito koje se koristi širom sveta. Od ukupne proizvodnje kukuruza 66% se koristi kao stočna hrana, 20% direktno za ishranu ljudi, 8% u industrijske svrhe, a preostalih 6% služi za reciklažu (Aslam i sar., 2015). Činjenica da se svaki deo ove biljke koristi daje joj poseban značaj. Sadrži oko 72% skroba, 10% proteina i 4% masti. Kukuruz je bogat izvor esencijalnih aminokiselina, i služi za dobijanje oko 42 miliona tona proteina svake godine, što je 15% ukupne globalne proizvodnje proteina (Sulewska i sar., 2014). Zbog visoke hranljive vrednosti povezane sa visokim prinosima, kukuruz je najčešće korišćena biljka za proizvodnju silaže (García-Chávez i sar., 2022). Izuzetnog je agrotehničkog značaja jer ima važnu ulogu u plodoredu. Više od 2000 različitih proizvoda za sirovinsku osnovu imaju kukuruz. Koristi se za ishranu ljudi, kao komponenta u proizvodnji stočne hrane, u industriji, farmaciji, medicini, proizvodnji alkoholnih i bezalkoholnih pića, tekstilnoj industriji itd. U poslednje vreme kukuruz se sve više proizvodi kao sirovina u energetske svrhe.

3.3. Stvaranje inbred linija i hibrida kukuruza

Zahvaljujući velikoj varijabilnosti u početku gajenja kukuruza postojao je veliki broj slobodno-oprašujućih sorata. Prve komponente hibrida (inbred linije), dobijene su njihovom samooplodnjom. Tokom 1936. godine samooplodnjom 96 različitih sorata dobijeno je 367 inbred linija koje su korišćene u programima stvaranja hibrida (Jenkins, 1936). Prve inbred linije su bile loših agronomskih karakteristika: niska klijavost te stoga loši sklopovi u proizvodnji, slabo oprašivanje usled kašnjenja u izbijanju svile, slab korenov sistem i nedovoljno čvrsta stabljika, što je rezultiralo niskim prinosom u semonarstvu (Baker, 1984). Prelazak sa sorata na hibride, desio se nakon otkrića heterozisa. Početkom 1908. godine, George Harrison Shull objavljivanjem rada "The composition of a field of maize", označio je početak eksploatacije heterozisa u oplemenjivanju biljaka (Hallauer, 2009). Jones (1918) predlaže korišćenje *triple-cross* i *double-cross* hibrida. Već 1921. započeto je kombinovanje inbred linija *double-cross* ukrštanjem, sve do šezdesetih godina prošlog veka kada se počinje sa proizvodnjom dvolinijskih *single-cross* hibrida kukuruza. Na prostoru bivše Jugoslavije početkom šezdesetih godina prošlog veka uvedeni su u proizvodnju četvorolinijski hibridi, a sredinom šezdesetih i dvolinijski hibridi kukuruza.

Stvaranje hibrida određenih performansi je krajnji cilj oplemenjivanja kukuruza. Hibridi kukuruza F₁ su prva generacija ukrštanja dve ili više genetički udaljenih inbred linija. Prema cilju selekcije, radi se odabir početnog materijala uže ili šire genetičke osnove radi stvaranja inbred linija. Proces stvaranja inbred linija najčešće traje od 8 do 10 generacija samooplodnje zavisno od vrste početnog materijala. Metode konvencionalnog oplemenjivanja koje se najčešće koriste su: metod klip na red, povratna ukrštanja, rekurentna i *pedigree* metod. Metoda dihaploida je razvijena kao brža metoda od konvencionalnih u stvaranju inbred linija. Jedna od najbitnijih faza stvaranja hibrida kukuruza je testiranje opštih i posebnih kombinacionih sposobnosti novostvorenih linija. U ovu svrhu mogu se koristiti različite metode ukrštanja linija. Za dalji rad se izdvajaju linije koje su ispoljile visok heterozis u hibridnim kombinacijama. Dvolinijski tzv. prosti hibridi se danas najviše proizvode kako u svetu tako i kod nas jer su većeg kapaciteta rodnosti i odlikuju se izraženijom fenotipskom uniformnošću u odnosu druge kategorije hibrida (Bernardo, 2001).

3.4. Uniformnost, stabilnost i interakcija

Konvencionalno oplemenjivanje biljaka kao i procena uniformnosti određenog genotipa u semenskoj proizvodnji se bazira na fenotipskoj proceni. Fenotipske osobine iako često oslikavaju genetičku varijabilnost, ne prate uvek genetski obrazac variranja, tj. javlja se nepodudarnost između morfološke i genetičke varijabilnosti (Thayumanavan i sar., 2009). Fenotip je rezultat interakcijskog odnosa genoma posmatrane biljke i svih mikro i mega uticaja faktora spoljašnje sredine kojima je

izložena u toku vegetacionog perioda. Interakcija gena – dominacija, epistaza i plejotropija, igraju suštinsku ulogu u evoluciji fenotipa kukuruza (Cyplik i sar., 2022). Jedan od primarnih ciljeva genetike je da objasni vezu između genotipa i fenotipa. Više autora je istaklo da je korelacija između morfoloških osobina i genotipova relativno niska (Bernet i sar., 2003; Kwon i sar., 2005; Tommasini i sar., 2003). Različite morfološke osobine imaju različite nivoe indikacija genetičke varijabilnosti. Morfološki slične individue, često su genetički različite i obrnuto. Osnova fenotipske i genotipske različitosti ili sličnosti je genetički jako kompleksna (Cavender-Bares i Pahlich, 2009). Razlike među jedinkama iste ili različitih vrsta mogu biti posledica alelnih varijacija, različite ekspresije gena povezanih sa morfološkim i nefiziološkim osobinama, kao i interakcije genotip $\times$ spoljašnja sredina ($G \times E$) svakog pojedinačnog lokusa, što rezultira fenotipskom divergentnošću (Kozak i sar., 2011). Prinos useva kao kompleksna agronomska osobina je pod izraženim uticajem interakcije $G \times E$, a najčešće se navodi da se doprinos genetike u ukupnom povećanju prinosa kreće oko 50-60% (Niu i sar., 2013).

Praćenjem agro-morfoloških osobina procenjuje se uniformnost i stabilnost inbred linija i hibrida kukuruza. Uniformnost hibrida podrazumeva genetičku homogenost (prisustvo identičnih genotipova) i genetičku stabilnost, tj. fenotipsku uniformnost (homeostaza) u različitim uslovima spoljašnje sredine. Sposobnost genotipa da se fenotipski konstantno ujednačeno ispoljava, definiše se kao uniformnost. Uniformnost je genetički kontrolisana i pod uticajem faktora spoljašnje sredine. Procenu uniformnosti unutar jednog genotipa, omogućuje praćenje variranja u ispoljavanju relevantnih karakteristika. Nivo variranja osobina uslovljen je interakcijskim odnosom $G \times E$, ali zavisi i od tipa ekspresije posmatranih osobina. UPOV deskriptor pruža smernice za procenu uniformnosti praćenjem tri vrste osobina: kvalitativnih (QL), kvantitativnih (QN) i pseudokvantitativnih (PQ) čiji nivoi ekspresije su numerički predstavljeni. Većina osobina od agronomskog značaja su kvantitativne osobine. Kvantitativne osobine za razliku od kvalitativnih su dosta kompleksnije jer su najčešće kontrolisane većim brojem gena (poligeni) slabijeg pojedinačnog efekta i jako izložene dejstvu faktora spoljašnje sredine. Vrednost inbred linija je određena brojnim osobinama, od kojih je većina u međuzavisnom odnosu (Adu i sar., 2021). Posledica inbridinga je inbriding depresija, što se odražava na umanjeње prinosa i veću osetljivost inbred linija kukuruza na uslove gajenja. Takođe, treba uzeti u obzir činjenicu da inbred linije bez obzira na visok procenat homozigotnosti pokazuju varijabilnost u ispoljavanju određenih morfoloških osobina. Prema Živanoviću i sar. (2004), razlog morfološke varijabilnosti nije genetička varijabilnost jer se radi o prethodnih najmanje šest generacija inbridinga, već su razlog opšta (*VEg*) i posebna (*VEs*) ekološka varijabilnost. Opšta ekološka varijabilnost podrazumeva uticaj svih faktora spoljašnje sredine, dok je posebna ekološka varijabilnost uslovljena fiziološkim procesima biljaka.

„Idealan genotip“ za sve uslove gajenja ne postoji, jer različiti genotipovi različito reaguju na uticaje faktora spoljašnje sredine. Idealan genotip kukuruza bi trebalo da ima visok prosečan prinos u kombinaciji sa niskim stepenom variranja u različitim uslovima spoljašnje sredine (Signor i sar., 2001). Procena uticaja interakcijskih odnosa na performanse genotipa zasniva se na izučavanju adaptibilnosti i stabilnosti.

Adaptabilnost je prosečna sposobnost genotipa da reaguje na promene u datom području, te je adaptabilnost bliska pojmu srednje vrednosti u statističkim modelima. Praćenje performanse određenog genotipa u različitim uslovima spoljašnje sredine pruža informacije o interakcijskim odnosima i da li je taj genotip generalno (široko) ili usko (specifično) adaptibilan (Souza i sar., 2020). Ako određeni genotip daje stabilne prinose u širokom arealu gajenja, reč je o generalnoj tj. širokoj adaptibilnosti. Ako genotip ostvaruje visoke prinose samo u određenom rejonu tj. određenim uslovima gajenja onda govorimo o specifičnoj tj. užoj adaptibilnosti. Šira adaptibilnost rezultuje nižim prinosom, dok viši prinos daju genotipovi uže adaptibilnosti (Bustos i sar., 2018). Raščlanjavanje genetičke osnove adaptibilnosti od interakcijskih odnosa $G \times E$, izuzetno je važno za program oplemenjivanja biljaka u kontekstu globalnih klimatskih promena. Sa agronomskog aspekta na adaptibilnost biljaka utiču vremenski uslovi u toku vegetacionog perioda i primena agrotehničkih mera (El-Soda i sar., 2014).

Biološki koncept stabilnosti definiše se kao sposobnost genotipa da zadrži nivo prinosa ili neke druge osobine bez obzira na promene uslova spoljašnje sredine, tj. genotip ne reaguje efikasno na poboljšane uslove gajenja jer se radi o genotipovima prilagođenim širem proizvodnom području (Kang, 2004). Agronomski koncept stabilnosti podrazumeva minimum interakcije hibrida sa spoljašnjom sredinom (Becker, 1981). Uporedo poboljšavanje vrednosti svojstava hibrida sa poboljšavanjem uslova spoljašnje sredine je definicija agronomske stabilnosti (Gunjača, 2001). Genotipovi su stabilni ukoliko je njihov doprinos interakciji slabiji, manje su osetljivi na uticaje faktora spoljašnje sredine što ne utiče bitno na vrednost njihovih osobina. Stabilnost predstavlja odstupanja od prosečne reakcije, tako da je bliska pojmu varijanse u statističkim modelima (Van Eeuwijk, 2006). Stabilnost genotipa u različitim uslovima spoljašnje sredine posledica je njegove genetičke strukture (Lee i sar., 2003). U agronomskom smislu stabilnost je sposobnost genotipova da uvek daju ujednačen prinos bez obzira na delovanje uslova spoljašnje sredine.

Fenotipska karakterizacija inbred linija kukuruza je jako važna u cilju stvaranja visoko prinorsnih hibrida (Hung i sar., 2012). Fenotip se menja pod uticajem varijacije genetičke osnove (genotipa) i faktora spoljašnje sredine, kao i prisutnih interakcija. Prema Mather (1949), Falconer (1960), Mather i Jinks (1971), komponente fenotipske varijanse su:

$$V_F = V_G + V_E + V_{GE}$$

gde je:

- V_F – varijansa fenotipa
- V_G – varijansa genotipa
- V_E – ekološka varijansa (varijansa spoljašnje sredine)
- V_{GE} – varijansa interakcija genotip/spoljašnja sredina

Kvantitativne (metričke) osobine jače fenotipski reaguju na varijaciju delovanja faktora sredine (lokalitet, godina), te kod ove grupe osobina postoji izraženija interakcija genotip x spoljašnja sredina. Ishod ove interakcije se odražava na adaptabilnost i stabilnost genotipova (Horner i Fray, 1957; Finlay i Wilkinson, 1963). Uticaj faktora spoljašnje sredine (lokacija, godina, i odgovarajuće interakcije), mogu objasniti i do 90% variranja u ostvarenom prinosu (Studicki i sar., 2018). Prinos kao složena kvantitativna osobina jako je podložna interakcijskim odnosima (GEI) jer se genotipovi gajeni u različitim uslovima spoljašnje sredine razlikuju po performansama i stabilnosti (Dari i sar., 2017). Detaljan opis karakteristika svakog genotipa u višegodišnjim i/ili višelokacijskim ogledima pomaže sagledavanju odnosa (genotip, sredina, i njihova interakcija) i pruža korisne informacije u cilju ostvarenja viših prinosa. Potencijal prinosa zavisi od lokacije i/ili godine i visoko je kontrolisan temperaturom, sunčevim zračenjem, vodom, snabdevenošću hranljivim materijama, prisustvom štetočina i bolesti (Wart i sar., 2013).

3.5. Faktori koji utiču na prinos kukuruza

Prinos zavisi od genetičkog potencijala rodnošći genotipa, primenjene agrotehnike kao i interakcijskog odnosa biotičkih i abiotičkih faktora. U abiotičke faktore spadaju zemljište (struktura, sastav, pH, fizičko-hemijske i biološke osobine) i klimatski faktori (voda, relativna vlažnost vazduha, temperatura i svetlost) dok u biotičke spadaju fitogeni, zoogeni i antropogeni faktori. Kako bi genotipovi održali svoju superiornost u različitim područjima, sistemima gajenja i u prisustvu biotičkog i abiotičkog stresa, stabilnost prinosa i široka adaptabilnost se moraju posmatrati zajedno sa potencijalom za prinos zrna. Genotipovi široke adaptabilnosti predstavljaju najbolje roditeljske komponente za buduća ukrštanja, u cilju daljeg genetičkog unapređenja hibrida (Malosetti i sar., 2013).

Najnovija generacija hibrida kukuruza odlikuje se genetičkim potencijalom rodnošći zrna od 15 do 20 t ha⁻¹ (Rajičić i sar., 2024), međutim ostvareni prinos u našim uslovima gajenja je oko 6,5 t ha⁻¹, a u najproduktivnijim godinama 8 t ha⁻¹ što je 25-30% ostvarenog genetičkog potencijala rodnošći

(Filipović i sar. 2015). Potencijalni prinos je maksimalan prinos koji se može ostvariti u određenim uslovima gajenja (Tandzi i Mutengwa, 2019). Na prinos zrna kukuruza najviše utiče hibrid tj. genetički potencijal rodnosti (46 - 51%), zatim primenjena agrotehnika (31 - 40%) i agroekološki uslovi (9 - 23%) (Jevtić, 1986). Starčević i Latković (2006) na osnovu rezultata svojih istraživanja navode da su hibridi dužeg vegetacionog perioda prinosniji 18 do 26% u godinama sa povoljnim vremenskim uslovima u donosu na hibride kraćeg vegetacionog perioda. U manje povoljnim godinama prinosi između hibrida su izjednačeni, dok su u nepovoljnim godinama rani hibridi prinosniji za 7% u odnosu na srednje rane i srednje kasne hibride.

Prinos inbred linija *per se* je u maloj korelaciji sa prinosom njihovog potomstva (hibrida), ali za semenarstvo kukuruza je ovo izuzetno bitan podatak. Za proizvodnju inbred linija koje se teže umnožavaju usled slabije produktivnosti potrebna su mnogo veća ulaganja, a hibridi dobijeni od ovakvih linija su skupi i imaju ograničen komercijalni potencijal bez obzira na njihovu rodnost. Zato je ocena prinosa i komponenti prinosa inbred linija *per se* način procene isplativosti semenske proizvodnje hibridnog kukuruza (Pinnisch i sar., 2012).

Pravovremenom setvom i adekvatnim izborom gustine useva može se značajno uticati na povećanje prinosa kukuruza bez velikih dodatnih ulaganja.

3.5.1. Uticaj gustine setve na prinos

Nakon uvođenja prvih hibrida kukuruza krajem tridesetih godina prošlog veka u Sjedinjenim Američkim Državama prinos je uvećan šest puta i iznosio je 2 t ha^{-1} sa prosečnom gustinom useva od 3 biljke/ m^2 . Svake naredne godine prinos se uvećavao za oko 115 kg ha^{-1} , da bi već devedesetih godina dostigao $8,8 \text{ t ha}^{-1}$. Danas je prosečna gustina setve oko 8 biljaka/ m^2 , dok je u Evropi od 6-8 biljaka po m^2 za hibride srednje kasne grupe zrenja (Li i sar., 2015). Primenom adekvatne agrotehnike i gustinom setve od $13,5 \text{ biljaka/m}^2$, u Kini je zabeležen rekordan prinos od 25 t ha^{-1} (Cheng i sar., 2021).

Kukuruz spada u širokorede useve. Kod nas se setva izvodi na međurednom rastojanju od 70 cm, uz mogućnost variranja od 65 do 75 cm. Vegetacioni prostor jedne biljke definisan je međurednim rastojanjem i rastojanjem biljaka u redu. Broj biljaka po jedinici površine (gustina useva), predstavlja jednu od najznačajnijih agrotehničkih mera i direktno utiče na visinu prinosa. Ova agrotehnička mera ispoljava veliku varijabilnost i zavisi od: genotipa (tip hibrida, dužina vegetacionog perioda), cilja proizvodnje (biomasa ili zrno), morfoloških osobina i habitusa biljke, količine i distribucije padavina u toku vegetacionog perioda, plodnosti i rezervi vlage zemljišta i vremena setve (Rufo i sar., 2015). Optimizacija gustine setve je glavna strategija za povećanje prinosa. Optimalna gustina useva omogućava efektivno usvajanje vlage, nutritijenata iz zemljišta i svetlosti što rezultira većim prinosom (Hütsch i sar., 2017; Videnović i sar., 2011).

Gustina useva utiče na apsorpciju i korišćenje sunčeve energije, vode i hranljivih materija od strane biljaka, kao i na promenu arhitekture biljaka i/ili korenovog sistema (Du i sar., 2021).

Pandurović i sar. (2009) u dvogodišnjem istraživanju uticaja četiri gustine useva ($49.300\text{-}75.200 \text{ biljaka ha}^{-1}$) i četiri nivoa azota ($90\text{-}240 \text{ kg ha}^{-1}$) došli su do zaključka da sa povećanjem gustine useva, vrednosti apsolutne mase i dužine klipa uglavnom opadaju, a sa povećanjem količine azota blago rastu do određene granice. Rastuće gustine i dodatne količine azota nisu imale uticaja na broj redova zrna, ističući da je reč o genetičkom svojstvu svakog hibrida i da ova osobina ne zavisi od agrotehnike.

Povećanjem gustine setve, konkurentnost biljaka može igrati važnu ulogu u ostvarivanju prinosa (Ngoune i Mutengwa, 2020). Prekoračenje optimalne gustine setve ima negativan uticaj na razvoj klipa (Sangoi, 2000).

Abuzar i sar. (2011) izučavajući efekte šest različitih gustina setve: (40000, 60000, 80000, 100000, 120000 i $140000 \text{ biljaka ha}^{-1}$) na prinos sorte kukuruza Azam, istakli su da je najveći prinos ostvaren na gustini setve od 60000, a nešto manji na gustini od 80000 biljaka ha^{-1} . Takođe su istakli da je gustina useva od 40000 biljaka ha^{-1} rezultovala najvećim brojem zrna u redu i zrna po klipju, dok je na gustini od 60000 biljaka ha^{-1} izmeren najveći broj klipova po biljci kao i najveći broj redova zrna

po klipu. Najmanji broj klipova po biljci i najniži prinos ostvaren je na najvećoj gustini od 140000 biljaka ha⁻¹.

Veća gustina setve otežava snabdevanje biljaka svetlošću, dovodi do slabijeg razvoja listova, smanjenog indeksa lisne površine, slabijeg inteziteta fotosinteze i neblagovremene ukupne proizvodnje biomase i prinosa zrna (Feng i sar., 2019; Zamir i sar., 2011).

Timlin i sar. (2014) ističu da veći broj biljaka po jedinici površine negativno utiče na rast biljaka zbog nedovoljne sunčeve svetlosti i asimilacije ugljenih hidrata.

Gou i sar. (2017) su izneli da se dužina i širina lista kukuruza smanjuje sa povećanjem broja biljaka po jedinici površine, dok Haarhoff i Svanepoel (2019) navode da je uticaj gustine setve na prinos tokom sezona 2016-2018 bio dosta varijabilan. Naime u sezoni sa većom količinom padavina pogotovu u ranijim fazama vegetacionog perioda kukuruza, gustina setve nije značajno uticala na prinos, dok je u najsušnijoj sezoni i sezoni sa ravnomernim rasporedom padavina tokom vegetacionog perioda, povećana gustina setve uticala na povećanje prinosa.

Lobell i sar. (2014) su izneli da veća gustina setve u uslovima suše umanjuje prinos zrna.

Zhang i sar. (2021) izučavajući uticaj različitih gustina setve kukuruza na arhitekturu biljke, fotosintetsku aktivnost, efikasnost iskorišćenja resursa od strane biljaka i prinos zrna u periodu 2013-2018. godine, zaključili su da previsoka gustina setve nije poželjna strategija u kišnim uslovima semiaridnog klimata.

Smanjenje gustine useva doprinosi smanjenom presretanju sunčeve svetlosti i niskom prinosu zrna po jedinici površine, iako pozitivno utiče na povećanje zrna po biljci (Kamara i sar., 2020).

Veća gustina useva povećava konkurentnost biljaka za hranljive materije, vodu i svetlost. Takođe utiče i na povećanje intervala između metličenja i svilanja (ASI) što smanjuje oplodnju, a samim tim i prinos zrna po biljci (Betrán i sar. 2003; Sangoi i sar., 2002). Al-Naggar i sar. (2015) su dokazali da se sa povećanjem gustine useva povećavaju visina biljke i klipa, dok se smanjuju sadržaj hlorofila, broj zrna po klipu i masa hiljadu zrna.

Povećanje prinosa poslednjih decenija uglavnom se beleži kao rezultat povećanja gustine setve, a ne povećanja prinosa po biljci (Assefa i sar., 2018). Broj biljaka po jedinici površine je jedna od najznačajnijih komponenata prinosa jer ako nema dovoljno biljaka neće biti ni dovoljno klipova po jedinici površine. Gust sklop setve će dati manje klipove i manje zrna po klipu i/ili zrna manje težine, ali veći broj klipova po jedinici površine će se pozitivno odraziti na ukupan prinos (Mandić i sar., 2016).

Mandić (2011), u svom istraživanju je utvrdila da se sa povećanjem gustine setve smanjuje dužina klipa, broj zrna u redu, broj zrna po klipu, masa zrna po klipu, masa klipa i masa 1000 zrna, a povećava prinos zrna po jedinici površine. S druge strane, broj redova zrna po klipu i broj listova po biljci ne zavise od gustine setve.

Mandić i sar. (2016) u dvogodišnjem proučavanju uticaja tri gustine setve (51020, 59524 i 71429 biljaka ha⁻¹) na *staygreen* hibrid kukuruza Dijamant 6 (FAO 600 grupe zrenja) ustanovili su da su se visina biljke, visina klipa i prinos zrna značajno povećali sa povećanjem gustine setve, dok su dužina klipa, broj zrna u redu, broj zrna po klipu, težina zrna po klipu, težina koćanke i masa 1000 zrna značajno smanjili.

Takođe, Silva i sar. (2014) zaključili su da se visina biljke, visina klipa i prinos zrna značajno povećali sa povećanjem gustine setve, dok se dužina klipa i broj zrna u redu smanjio.

Uticaj gustine setve na prinos zavisi od složenih interakcija između genotipa (G), okruženja (E) i agronomске prakse (M), faktora (G × E × M). Od gustine setve i rasporeda biljaka po jedinici površine u velikoj meri zavisi korišćenje resursa (svetlost, hranljive materije i voda), vegetativni rast i razvoj biljaka, kompeticijski odnos, evaporacija, korišćenje svetlosti, kao i broj, rast i razvoj reproduktivnih organa (Lindsey i Thomison, 2016; Tajul i sar., 2013).

Hibridi kraćeg vegetacionog perioda povoljnije reaguju na veću gustinu setve (68 do 79 hiljada biljaka ha⁻¹) od kasnostasnih, čiji sklop iznosi (57 hiljada biljaka ha⁻¹), dok kod srednje ranih i srednje kasnih hibrida gustina setve treba da se kreće u rasponu (57-68 hiljada biljaka ha⁻¹), (Živanović i sar., 2004; Marić, 2013). Takođe se ističe da svako povećanje broja biljaka van navedenih vrednosti ne dovodi značajno do povećanja prinosa zrna.

Povećana gustina setve se pokazala kao efikasna agronomska praksa za poboljšanje prinosa zrna i efikasnost korišćenja resursa širom sveta (Fahad i sar., 2020; Jia i sar., 2018; Testa i sar., 2016).

Veća gustina setve može dati veći prinos zrna ako je genotip (linija ili hibrid) tolerantan na izraženu kompeticiju biljaka prema svetlosti, hranljivim materijama i vodi (Zhang i sar., 2021). Uvođenjem u proizvodnju hibrida većeg genetičkog potencijala rodnosti i boljih agronomskih osobina uz intenzivnu agrotehniku, gustina setve se povećava. Kontinuirano povećanje gustine setve dovelo je do promene niza morfoloških osobina, do pojave: čvršćih donjih internodija stabla, uspravnog položaja listova, veće lisne površine, boljeg usvajanja svetlosti, smanjenja veličine metlice, skraćivanja intervala između metličanja i svilanja i povećanja težine zrna usled produžene faze naličavanja zrna (Duvick i sar., 2005). Današnji hibridi podnose veću gustinu setve i daju veće prinose od ranijih generacija hibrida (DeBruin i sar., 2017).

Od 1960. do 2005. godine, genetičko unapređenje hibrida kao i povećanje gustine setve doprineli su porastu svetske proizvodnje kukuruza od 168,5 do 311,8%, (Sun i sar., 2023), a danas i do 468%. Broj biljaka po hektaru se povećavao od 35000 - 40000 sedamdesetih, na 55000 - 60000 osamdesetih godina, a danas se moderni hibridi gaje u sklopu od 90000 biljaka ha⁻¹ (Ali i sar., 2017). Smatra se da je to gornja granica preko koje se prinosi smanjuju.

Prinos zrna raste sa povećanjem gustine setve do određene granice, nakon čega opada usled limitirajućih faktora (voda, svetlost, nutritijenti). Odabir adekvatnih genotipova uz adekvatnu agronomsku praksu utiče na smanjenje kompeticijskih odnosa u povećanoj gustini setve što rezultira većim prinosom (Haegerle i sar., 2014).

U semenskoj proizvodnji gustina setve mora biti prilagođena tipu inbred linije, dužini vegetacionog perioda i uslovima gajenja kako bi se ostvario veći prinos i kvalitetnije seme uz manje troškove proizvodnje. Na osnovu dosadašnjeg iskustva u proizvodnji hibridnog semena kukuruza, smatra se da je za roditeljske komponente (inbred linije) optimalna gustina setve u rasponu od 50-80000 biljaka ha⁻¹ (Ghete i sar., 2021).

3.5.2. Uticaj roka setve na prinose

Faktori spoljašnje sredine snažno utiču na rast, ontogenetski razvoj i formiranje prinosa kod kukuruza. Pravovremena setva je ključna za ostvarivanje visokih prinosa kako zrna, tako i biomase kukuruza. Datumom setve mogu se izbeći nepovoljni klimatski uslovi, prvenstveno stres izazvan sušom i ekstremno niske ili visoke temperature. Kukuruz se po pravilu ne seje dok se temperatura setvenog sloja zemljišta ne približi 10°C. Temperatura ispod ove vrednosti, usporava fiziološke procese pri klijanju semena i često dovodi do slabijeg nicanja.

Suviše rana setva (zbog negativnog uticaja niskih temperatura) ili kasna setva (jer se odlaže cvetanje i oplodnja) utiču na umanjenje prinosa (Irwin i sar., 2015; Shah i sar., 2021; Tsimba i sar., 2013; Urban i sar., 2018). Takođe dolazi do slabijeg usvajanja fotosintetski aktivnog zračenja talasne dužine 0,380 – 0,710 mikrona usled nedovoljno razvijene lisne površine. Rok setve utiče na brzinu rasta biljke, kao i na dužinu fenoloških faza, što se odražava na potencijalni prinos i komponente prinosa. Visoke temperature u toku vegetacionog perioda ubrzavaju rast kukuruza, ali ne i razvoj što rezultira pojavom viših biljaka i veće biomase. Ubrzan rast skraćuje period usvajanja svetlosti i fotosinteze te tako umanjuje i akumulaciju suve materije (Maresma i sar., 2019). Nepovoljni vremenski uslovi (vodni deficit i visoke temperature vazduha) dovode do nepodudarnosti u pojavi muških i ženskih cvetova što se nepovoljno odražava na oplodnju i proizvodnju semena. Najveći prinosi se generalno ostvaruju kada je vegetacioni period genotipa duži, a vlaga u zemljištu nije ograničavajući faktor (Kucharik, 2006).

Optimalan rok setve varira u zavisnosti od klimatskih područja i razlike u dužini vegetacionog perioda genotipa (Maresma i sar., 2019). Adekvatan datum setve omogućuje optimalno korišćenje klimatskih faktora (temperatura, vlažnost, dužina dana) i prilagođavanje vremena cvetanja odgovarajućim temperaturnim uslovima. U našim uslovima optimalni rok setve kukuruza smatra se termin od 10. do 25. aprila u zavisnosti od agroekološkog rejonu i godine (Mehandžić i sar., 2008).

U ravničarskim krajevima naše zemlje najveće površine se zaseju upravo u navedenom terminu, a u planinskim krajevima setva se obavlja krajem aprila, početkom maja meseca.

Za svaki hibrid postoji optimalni rok setve kojim će se omogućiti normalan rast i razvoj biljaka. Beiragi i sar. (2011) izučavanjem 18 hibrida zaključili su da svako odlaganje setve od optimalnog roka za određeno područje gajenja kukuruza utiče na redukovanje fiziološke zrelosti, broja listova po biljci, broja zrna po redu, dužine klipa, mase 300 zrna, procenta klipa i prinosa zrna. Uticaj kasnijeg roka setve na prinos izučavali su Tsimba i sar. (2013), i utvrdili da se negativno odrazio na broj zrna po klipu, težinu zrna po klipu i ukupan prinos zrna.

Videnović i sar. (2011) ispitivali su uticaj šest rokova setve: tri u aprilu (5., 15., i 25.) i tri u maju (5., 15. i 25.) na pet hibrida kukuruza (ZP 434, ZP 578, ZP 580, ZP680 i ZP 684) u periodu od 2003. do 2008. godine u Zemun Polju. Najviši prinos ostvaren je pri setvi kukuruza 15. aprila (11,21 t ha⁻¹), dok je u druga dva aprilska roka ostvaren niži prinos od 1,5 do 2,1%. Setvom u maju, ostvareni su statistički veoma značajno niži prinosi u odnosu na referentnu vrednost (11,21 t ha⁻¹) i to od 6 do 13,4%. Ove činjenice dokazuju da je setva kukuruza u aprilu, a posebno polovinom ovog meseca, najpovoljniji rok setve u Srbiji.

Klimatske promene ukazuju na dugoročan trend pojave viših temperatura, veće evapotranspiracije i neravnomerne količine i distribucije padavina. Povišena temperatura kod većine biljnih vrsta izaziva ometanje fizioloških procesa. Temperature oko 30°C tokom faze cvetanja kukuruza izazivaju značajan gubitak prinosa (Dinesh i sar., 2016). Toplotni stres kod kukuruza povećava period između metličenja i svilanja (Antheses Silking Interval – ASI), izaziva smanjenu diferencijaciju cvetova, slabije oprašivanje što negativno utiče na prinos (Edmeades i sar., 2000; Edreira i sar., 2011). Jedna od bitnih strategija prilagođavanja ovim promenama jeste podešavanje datuma setve. Preporučuje se kasnija setva ozimih useva zbog povišenih jesenjih temperatura i ranija žetva zbog viših prolećnih temperatura, uz raniju prolećnu setvu kukuruza, (Ashutosh i sar., 2016; Bhutto i sar., 2019; Živanović i sar. 2006). Osobine hibrida kukuruza nove generacije: jači vigor, veća tolerantnost na niže temperature i povećanu vlažnost zemljišta u fazi klijanja, veća tolerantnosti na bolesti, štetočine i herbicide doprinele su ranijoj setvi nego pre 30 godina (Abendroth i sar., 2017). Uopšteno govoreći, ranija setva je poželjna, ali temperature zemljišta moraju biti dovoljno visoke da obezbede brzo klijanje i nicanje. Ranijom setvom kukuruza značajno se mogu ublažiti štetne posledice letnje suše, obezbediti prirodni uslovi za otpuštanje vlage iz zrna što smanjuje troškove dosušivanja. Rezultati brojnih istraživanja ističu prednosti ranije setve kukuruza u odnosu na kasnije rokove u pogledu povećanja prinosa zrna (Kabir i sar., 2017; Shah i sar., 2021).

3.6. Kvalitet semena i kontrola genetičke čistoće

Kvalitet semena je od presudnog značaja za uspešnu proizvodnju hibrida kukuruza. Pod kvalitetnim semenom se podrazumeva genetički i fizički čisto seme, fiziološki zrelo i zdravo seme visoke klijavosti. Fizički čisto seme je bez oštećenja, bez prisustva semena drugih biljnih vrsta i inertnih materija, zdravo i približno uniformno po pitanju veličine zrna. Fiziološki kvalitetno seme mora biti visoke klijavosti i vigora (Sebetha i sar., 2015). Svi ovi parametri kvaliteta semena se mogu utvrditi testiranjem partije semena (FAO, 2010). Partija semena jeste određena količina semena poreklom sa iste parcele i iste godine proizvodnje čija masa ne prelazi najveću dozvoljenu količinu, homogena je, fizički se može identifikovati i označena je jedinstvenim brojem ("Sl. glasnik RS", br. 45/2005 i 30/2010 - dr. zakon).

Jedan od najvažnijih kriterijuma kvaliteta potreban za uspešnu proizvodnju hibridnog semena kukuruza je genetička čistoća. Genetička čistoća partije semena je procenat uzorka koji nije kontaminiran semenom ili genetičkim materijalom drugih sorata ili vrsta (Nikolić i sar., 2008). Izražava se u procentima i predstavlja potvrdu genetičkog identiteta određene biljne vrste tj. autentičnost sorte. Svako odstupanje od sortne originalnosti tokom procesa umnožavanja, dovodi do pojave biljaka koje po karakteristikama nepredvidivo odstupaju od očekivanih, što može umanjiti prinose i narušiti proizvodnju kvalitetnog semena (Martin i sar., 2005). Procenjuje se da pad čistoće semena hibrida kukuruza za samo 1% može dovesti do gubitka 135 kg/ha (Song i sar., 2013). Dakle,

upotreba semena niske genetičke čistoće dovodi do segregiranja osobina, nižih prinosa i gubitka genetičkog identiteta sorte. Postoje tri osnovne kategorije semena kukuruza u smislu Zakona o semenu: predosnovno, osnovno i sertifikovano seme prve generacije – prva generacija hibrida, komercijalno seme (hibridno, seme F1 generacije). Kvalitet svih nabrojanih kategorija semena najpre zavisi od kvaliteta inbred linija koje je proizveo selekcioner. Ukoliko selekcionerovo seme nije visoke genetičke čistoće, ni seme koje se dobija njegovim umnožavanjem neće imati dovoljan nivo genetičke čistoće. Da bi se održao genetički identitet hibrida i maksimalni kapacitet rodosti, neophodno je održavanje visokog stepena genetičke čistoće tokom umnožavanja inbred linija uključenih u hibrid. Održavanje genetičke čistoće i uniformnosti inbred linija i hibrida kukuruza, preduslov je uspešne proizvodnje i plasmana komercijalnog hibridnog semena na tržište. Za procenu genetičke čistoće, najčešće se koriste genetički markeri svrstani u grupe: morfološki, biohemijski i molekularni.

3.7. Genetički markeri

Genetički marker je gen ili DNK sekvenca sa poznatom lokacijom na hromozomu i služi za detektovanje genetičke razlike između jedinki iste ili različitih vrsta. Na osnovu njih se indirektno dobija informacija o genima (ili delovima genoma) uključenih u ekspresiju ispitivane osobine. Idealan marker treba da poseduje sledeće osobine: visok nivo polimorfizma (detektuje različite varijante alela), ravnomernu rapoređenost duž genoma, kodominantno nasleđivanje, mogućnost da se lokus lako i brzo uoči u ranim fazama razvika, nezavisnost od uticaja faktora spoljašnje sredine (Smith, 1989). Igraju važnu ulogu i u proučavanju varijabilnosti, konstrukciji mapa i detektovanju povezanih gena kod različitih genotipova (Jiang, 2013). Podeljeni su u tri grupe: morfološki tj. fenotipski markeri, zasnovani na vizuelnim i metričkim ocenama agro – morfoloških osobina, zatim, biohemijski markeri koji su bazirani na genskim produktima i molekularni markeri čija su osnova DNK sekvence. Morfološka karakterizacija kao osnova u kombinaciji sa biohemijskim i molekularnim markerima olakšava identifikaciju i deskripciju agronomski važnih osobina i pruža veću mogućnost definisanja genetičkih profila (tj. *fingerprinting-a*). Standardizacija ovih metoda je postignuta ISTA pravilima (*International Seed Testing Association*) i UPOV-deskriptorom (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*) kroz DUS (Distinctness, Uniformity and Stability) testiranje koje je osnova sistema zaštite prava oplemenjivača biljaka (Plant Breeders Rights).

3.7.1. Morfološki markeri

Morfološki markeri služe za praćenje kvalitativnih i kvantitativnih osobina i na taj način koriste sistemskoj identifikaciji genotipova, vrsta i rodova biljaka (Chesnokov i sar., 2020). Oni daju fenotipsku procenu osobina. Kvalitativne osobine obično kontroliše nekoliko gena sa jakim efektom (major geni). Ove osobine su lako uočljive što olakšava diferencijaciju i identifikaciju genotipa. Suprotno ovome kvantitativne osobine su uslovljene većim brojem gena slabijeg efekta (poligeni) i složenim načinom nasleđivanja. Od ekspresije pojedinačnih gena, moguće interakcije alela istog lokusa, ali i alela na različitim lokusima zavisi nasleđivanje i ispoljavanje kvantitativnih osobina (Cook i sar., 2012). Većina osobina od značaja kukuruz je upravo pod uticajem poligena. Ispoljavanje ovih osobina dosta je izloženo uticaju faktora spoljašnje sredine, a ujedno su uslovljene razvojnou fazom biljke. Jedan morfološki marker može uticati na drugi ili na osobine od interesa usled plejotropnog efekta (Falconer i Mackay, 1996). Usled nedovoljno objašnjelog mehanizma genetičke kontrole i jakog uticaja faktora spoljašnje sredine, subjektivnosti ocenjivača pri vizuelnom ocenjivanju, kao i nepogodnosti diskontinuiranih podataka za statističku analizu, mnogi morfološke markere smatraju manje pouzdanim u proceni genetičkih odnosa. Tradicionalno korišćeni morfološki markeri u proceni genetičke čistoće i dalje su aktuelni, mada je nemoguće proceniti koliko detaljan opis ovih osobina treba da postoji, da bi dobili jasnu procenu u kojoj meri su fenotipski slične individue u isto vreme i nenetički slične. Morfološki markeri su važni indikatori za procenu atipičnih biljaka u semenskoj proizvodnji. Kao morfometrijski deskriptori, usmeravaju održavanje genetičke

čistoće u polju uklanjanjem atipičnih biljaka, i znatno olakšavaju ispunjavanje zahtevanih standarda vezanih za genetičku čistoću, fizičku čistoću i sertifikaciju semena (Madhukeshwara i Sajjan, 2015). Kontinuirana upotreba morfoloških podataka za opisivanje važnih genotipova ukazuje na to da ti podaci zadržavaju popularnost kao deskriptori biljnih vrsta (Galović i sar., 2006). Morfološki markeri pružaju skup, dugotrajan, ali pouzdan metod za rutinski skrining velikog broja genotipova (Carović i sar., 2011). Značaj morfoloških markera ogleda se u sposobnosti identifikacije genotipova poželjnih osobina, kao što su ranostasnost, otpornost na bolesti, unapređenih osobina vezanih za klip (Patil i sar., 2018). Pored toga, morfološki markeri igraju važnu ulogu u upravljanju i održavanju biljnih genetičkih resursa (eng. *Plant Genetic Resources*) kao i u sistemu prava oplemenjivača biljaka (eng. *Plant Breeders' Rights*). Međunarodno usaglašen deskriptor za kukuruz koji je objavio UPOV (*Union Internationale pour la Protection des Obtentions Vegetales*), jedan je od nekoliko smernica za morfološke deskriptore kako bi se standardizovao morfološki opis za kukuruz (Babić i sar., 2016a). Testovi različitosti, ujednačenosti i stabilnosti DUS (Distinctness, Uniformity and Stability) uglavnom se sprovode prema UPOV smernicama za pojedine vrste. DUS ispitivanje sorti jedan je od uslova za njihov ulazak na Nacionalnu listu i/ili za odobravanje prava oplemenjivača biljaka (Yadav i Singh, 2010). U poređenju sa morfološkom varijabilnošću, molekularni i biohemijski polimorfizam se smatra više informativnim (Gauthier i sar., 2002).

3.7.2. Biohemijski markeri

Biohemijski markeri su proteini nastali kao rezultat ekspresije gena. Zahvaljujući mogućnosti identifikacije pojedinačnih alela, ovaj tip markera omogućava pouzdanu identifikaciju homozigota (inbred linija) i heterozigota (hibrid), i kao takav se koristi za karakterizaciju i procenu genetičke čistoće (tj. homozigotnosti) linija kao roditeljskih komponenata hibrida kukuruza (Kumari i sar., 2018). Biohemijske analize zasnovane na proteinskim markerima kao što su neenzimski proteini (rezervni proteini), enzimski proteini (izoenzimi, različite molekulske forme jednog enzima sa istom katalitičkom funkcijom), su markeri koji detektuju kodirajuće regione i varijacije na nivou produkata gena tj. otkrivaju polimorfizme na nivou proteina. Izoenzimi, iako često korišćeni imaju ograničenu upotrebu usled njihovog ograničenog broja u zavisnosti od biljne vrste i zbog podložnosti posttranslacijskim modifikacijama. Rezervni proteini semena su direktni produkti strukturnih gena, ostaju stabilni duži niz godina i nezavisni su od uticaja uslova spoljašnje sredine (Dhatt i sar. 2019). Zrno kukuruza sadrži ~ 10% proteina, od toga, ~ 70% ih je klasifikovano kao rezervni proteini. Prema rastvorljivosti rezervni proteini kukuruza u zrnu su podeljeni u četiri grupe: albumini, globulini, glutelini i prolamini (tj. zeini). Prolamini čine oko 60% rezervnih proteina endosperma kukuruza, glutelini oko 34%, a ostatak su albumini i globulini sa po tri posto (Flint-Garcia i sar., 2009). Elektroforeza rezervnih proteina se lako očitava i reproducibilna je (Aksyonov, 2005). Ultra tankoslojno izoelektrično fokusiranje (UTLIEF) je standardna referentna metoda za ispitivanje genetičke čistoće hibrida i verifikacije genotipova kukuruza. U Institutu za kukuruz „Zemun Polje“, ova metoda se primenjuje analizom rezervnih proteina, alkoholno rastvorljivih (prolamina) i vodno rastvorljivih (albumina) ekstrahovanih iz pojedinačnih zrna kukuruza i njihovim razdvajanjem na ultra tankoslojnom poliakrilamidnom gelu pomoću izoelektričnog fokusiranja. Profili proteinskih traka na dobijenom gelu su karakteristični za ispitivani genotip ili inbred liniju. Identifikacija jedne ili više proteinskih traka (marker traka) prisutnih u očinskoj roditeljskoj komponenti koje nedostaju u majčinskoj roditeljskoj komponenti (i prisutne su u hibridu) omogućava verifikaciju hibrida i utvrđivanje genetičke čistoće uzoraka hibridnog semena kukuruza.

3.7.3. Molekularni (DNK) markeri

Pojava molekularnih DNK markera poslednjih decenija doprinela je preciznijem i bržem prevazilaženju nedostataka morfoloških i biohemijskih markera. Molekularni markeri su sekvence DNK kodirajućih ili ne kodirajućih delova genoma i identifikuju polimorfizam na nivou DNK te tako prevazilaze nedostatke morfoloških i biohemijskih markera. Marker koji najviše ispunjavaju uslove

idealnih markera su podeljeni na osnovu više kriterijuma. Mishra i sar. (2014) navode podelu molekularnih markera prema metodi za utvrđivanje polimorfizma DNK, u dve grupe:

1. RFLP (engl. *Restriction Fragment Length Polymorphism* – Polimorfizam Dužine Restriktionih Fragmenata) – markeri zasnovani na hibridizaciji:
2. PCR (*Polymerase Chain Reaction*) – markeri zasnovani na lančanoj reakciji polimeraze:
 - RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA* – nasumično umnožena polimorfna DNK), markeri koji koriste nasumične prajmere
 - SSR (*Simple Sequence Repeat* – ponovci jednostavnih sekvenci), koriste specifične prajmere.
3. AFLP – (*Amplified Fragment Length Polymorphism* – polimorfizam dužine amplifikovanih fragmenata), markeri zasnovani na PCR – u i restriktionom „sečenju“
4. STS (*Sequence Tagged Site*) – markeri poznate sekvence i lokacije u genomu, zasnovani na PCR-u.
5. SNP (*Single Nucleotide Polymorphism* – polimorfizam pojedinačnih nukleotida), markeri zasnovani na tačkastim mutacijama u DNK molekulu.

Prema načinu nasleđivanja markeri mogu biti kodominantni, detektuju obe varijante alela (homozigote i heterozigote) i dominantni koji nemaju mogućnost detektovanja heterozigota. Poznata je i podela markera na osnovu vrste polimorfizma koju detektuju (tačkaste mutacije, insercije, delecije, inverzije, duplikacije), ćelijskoj organeli u kojoj se nalaze (nuklearni, mitohondrijalni, hloroplazmatični) i po troškovima primene (Bernardo, 2008; Khan i sar., 2014; Poczai i sar., 2013).

3.7.4. PCR molekularni markeri

Metoda lančane reakcije polimeraze (PCR) zasnovana je na enzimatskoj *in vitro* amplifikaciji DNK i omogućava dobijanje velikog broja kopija željene sekvence. U cilju amplifikacije određenih fragmenata dizajniraju se dva oligonukleotidna prajmera komplementarna ciljanoj sekvenci DNK molekula i hibridizuju na njenim suprotnim stranama. Dodavanje termostabilne DNK polimeraze u odgovarajući puferski sistem, a zatim serija ciklusa koji uključuju korake denaturacije dvolančanog molekula DNK, vezivanje prajmera i ekstenziju vezanih prajmera, rezultira u eksponencijalnoj amplifikaciji specifičnih fragmenata. Polimorfizam koji se detektuje na ovakav način zasniva se na različitim dužinama amplifikovanih fragmenata.

SSR (*Simple Sequence Repeats*) markeri ili mikrosateliti su nasumični tandemske mono-, di-, tri-, tetra-, penta- i heksanukleotidni ponovci dužine 1-6 baznih parova ravnomerno raspoređeni duž genoma (Al-Samarai i Al-Kazaz, 2015). SSR markeri se kodominantno nasleđuju, multialelni su i relativno lako se očitavaju. Imaju prednosti u odnosu na RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) i AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) markere u smislu tehničke jednostavnosti, nivoa protoka i automatizacije (Varshney i sar., 2005). U poređenju sa SNP markerima koji su generalno bialelni, SSR markeri su informativniji jer mogu da detektuju više alela po lokusu (Adu i sar., 2019). Pojedinačni SSR lokusi se amplifikuju u PCR procesu uz pomoć oligonukleotidnih prajmera specifičnih za jedinstvene DNK sekvence koje uokviruju SSR sekvencu. Za analizu mikrosatelitskog lokusa potrebna je relativno mala količina DNK uzorka (obično 5-50 µg po reakciji) i analiza ne zahteva visokokvalitenu DNK. Proizvodi PCR-a se mogu razdvojiti pomoću elektroforetskih sistema visoke rezolucije kao što su AGE (*Agarose gel electrophoresis*) i PAGE (*Polyacrylamide gel electrophoresis*), a trake se mogu vizuelizovati nakon fluorescentnog ili bojenja srebro nitratom. SSR tehnika zahteva informacije o nukleotidima za razvoj markera. Od '90. godina,

ovi markeri su korišćeni u konstrukcijama genetičkih likidž mapa, mapiranju QTL-ova, marker asistiranoj selekciji i analizu biljne germplazme i u proceni genetičke čistoće kukuruza (Daniel i sar., 2012; Shinde i sar., 2021), pirinča (Sundaram i sar., 2008), suncokreta (Iqbal i sar., 2010), i drugih biljnih vrsta. Među velikim spektrom molekularnih markera SSR markeri su najčešće korišćeni u proceni genetičke čistoće, definisanju (tj. *fingerprinting*-a) genetičkog profila, mapiranju genoma, filogenetskim i populacionim istraživanjima zahvaljujući velikoj zastupljenosti u genomu, ujednačenoj distribuciji duž genoma, ko-dominantnom nasleđivanju, polimorfizmu i jednostavnoj i jeftinijoj upotrebi (Kumar i sar. 2012; Bohra i sar. 2017, Nadeem i sar., 2018, Zimmer i sar., 2015).

SNP (*Single Nucleotide Polimorphysam*) markeri predstavljaju varijacije u sekvenci DNK koje nastaju usled izmene odnosno mutacije na jednom mestu, u jednom nukleotidu. Tačkaste mutacije nastaju kao posledica supstitucija pojedinačnih nukleotida u genomu (tranzicije > transverzije) ili usled insercija/delecija pojedinačnih nukleotida. Ovi markeri su bialelni, mogu se nalaziti unutar kodirajućih sekvenci gena ili unutar intergenskih regija u različitim frekvencijama i na različitim hromozomskim regionima. Gustina ovih markera je veća u intergenskim i intronskim regionima nego u egzonima (Weising i sar., 2005). Pokazalo se da je jedan SNP prisutan na 100 do 300 bp u do sada analiziranim biljnim vrstama (Xu i sar., 2015). Mnoge tehnike sekvencioniranja i bioinformatičke metode se primenjuju za razvoj i identifikaciju SNP-a. U identifikaciji SNP-ova koriste se dva pristupa. Jedan je pretraživanje sekvenci iz baze podataka, kada su oni označeni kao *in silico* ili elektronski SNP-ovi. U eksperimentalnom pristupu geni kandidati ili genomski regioni od značaja, ispituju se na prisustvo SNP-ova nizom tehnika kao što je "mikročip-hibridizacija", direktno sekvenciranje ili elektroforeza PCR fragmenata koji sadrže kandidat sekvence na SSCP (engl. *single-strand conformation polymorphism*) ili DGGE gelovima (engl. *denaturing gradient gel*). Drugi pristup je konvertovanje ostalih tipova molekularnih markera u SNP-ove, kao npr. AFLP markera. SNP markeri u genomu formiraju različite haplotipove, odnosno blokove DNK. SNP aleli u haplotipovima se zajedno nasleđuju. Identifikacija nekoliko pažljivo odabranih SNP-ova u target regionima definisana određenim haplotipovima obezbeđuje dovoljno informacija da se može predvideti konstitucija ostatka SNP-ova u regionu.

U poslednjoj deceniji, SNP su postali najčešći tip molekularnih markera koji se koristi u istraživanju genoma biljaka i životinja (Bekele i sar., 2018; Campuzano-Duque i sar., 2022; You i sar., 2018). Velika prednost ovih markera u odnosu na ostale je što su prisutni u praktično neograničenom broju u genomu, kao i dostupnost pouzdanih testova za karakterizaciju velikog broja biljaka. Do sada su mnogi SNP čipovi uspešno korišćeni u genotipizaciji diploidnih vrsta, kao što su jabuka 480K SNP čip (Bianco i sar., 2016), kukuruz 600K SNP čip (Unterseer i sar., 2014), i pirinač 700K SNP čip (McCouch i sar., 2016).

IV

RADNA HIPOTEZA

Klimatske promene koje dovode do porasta temperature vazduha, izmenjene distribucije i količine padavina, mogu se negativno odraziti na ukupnu poljoprivrednu proizvodnju, samim tim i na proizvodnju kukuruza.

- Osnovna hipoteza je da agro-tehničke mere: datum setve, gustina useva, i odabir genotipova prilagođenih arealu gajenja, mogu značajno uticati na smanjenje negativnog dejstva abiotičkog i biotičkog stresa na biljku.
- Između odabranih linija različite genetičke osnove i grupe zrenja, se očekuje, da postoji značajna razlika u karakteristikama *per se*, kao i značajna varijabilnost u prinosu zrna i drugim agronomskim osobinama usled različitih agro-ekoloških uslova gajenja.
- Očekuje se da će rezultati morfoloških markera dati poseban doprinos u proceni agronomske vrednosti analiziranih genotipova.
- Očekuje se potvrda informativnosti SSR markera propisanih od strane *ISTA* u slučaju ispitivane homozigotnosti odabranih inbred linija.
- Primenom biohemijskih i molekularnih markera, očekuje se potvrda visokog procenta genetičke homozigotnosti linija komponenata priznatih hibrida.
- Očekuje se da će rezultati ovog istraživanja dati doprinos u povećanju efikasnosti semenske proizvodnje odabranih inbred linija kukuruza.

V

MATERIJAL I METODE RADA

5.1. Biljni materijal

Istraživanjem je oduhvaćen set od 15 inbred linija kukuruza standardnog kvaliteta zrna (G1 - G15) Instituta za kukuruz “Zemun Polje”. Inbred linije su različitog genetičkog porekla i različite dužine vegetacionog perioda, od srednje ranih do kasnih grupa zrenja (FAO 300 - 700). Od ukupnog broja linija 11 su komponente novopriznatih hibrida, a četiri su inbred linije koje se nalaze u procesu selekcije i testiranja (Tabela 1). Analiziran je po jedan uzorak semena svake od 15 inbred linija u trogodišnjem poljskom ogledu u cilju agro-morfološke karakterizacije i procene uniformnosti, u uslovima slobodne oplodnje. U laboratorijskim uslovima u cilju procene genetičke homozigotnosti, isti uzorak semena svake inbred linije je analiziran i biohemijskim i molekularnim SSR markerima.

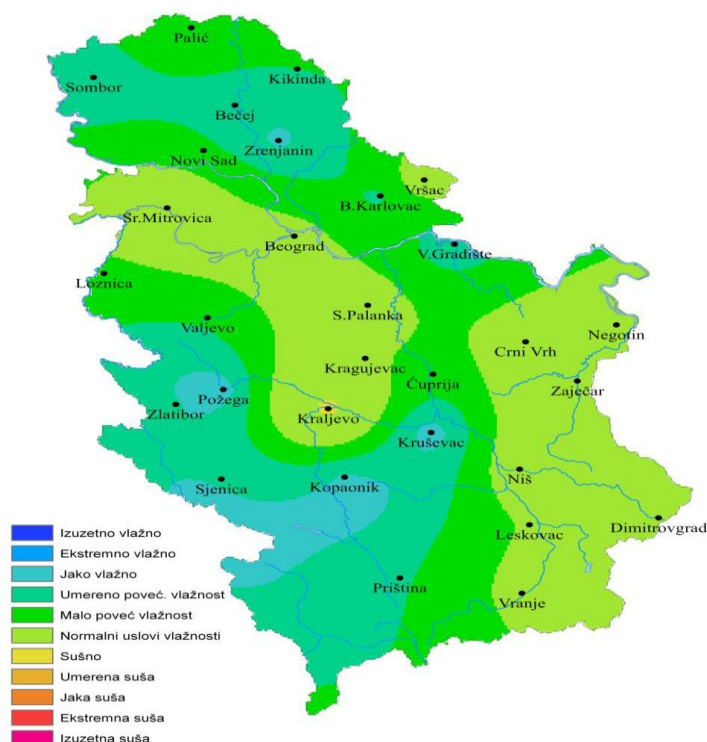
Tabela 1. Pregled inbred linija korišćenih u istraživanju

Linija	Poreklo	FAO grupa zrenja	Napomena
G1	ID/BSSS	300	Selekcioni materijal
G2	ID/BSSS	300	Selekcioni materijal
G3	ID/BSSS	300	Komponenta hibrida
G4	ID	400	Komponenta hibrida
G5	ID/BSSS	400	Selekcioni materijal
G6	ID/BSSS	400	Komponenta hibrida
G7	ID	500	Komponenta hibrida
G8	BSSS	500	Selekcioni materijal
G9	BSSS/ID	600	Komponenta hibrida
G10	BSSS/Ohio-7	600	Komponenta hibrida
G11	Lancaster	600	Komponenta hibrida
G12	Lancaster	600	Komponenta hibrida
G13	BSSS	600	Komponenta hibrida
G14	BSSS	700	Komponenta hibrida
G15	BSSS	700	Komponenta hibrida

5.2. Agrometeorološki uslovi

5.2.1. Agrometeorološki uslovi 2016. godine

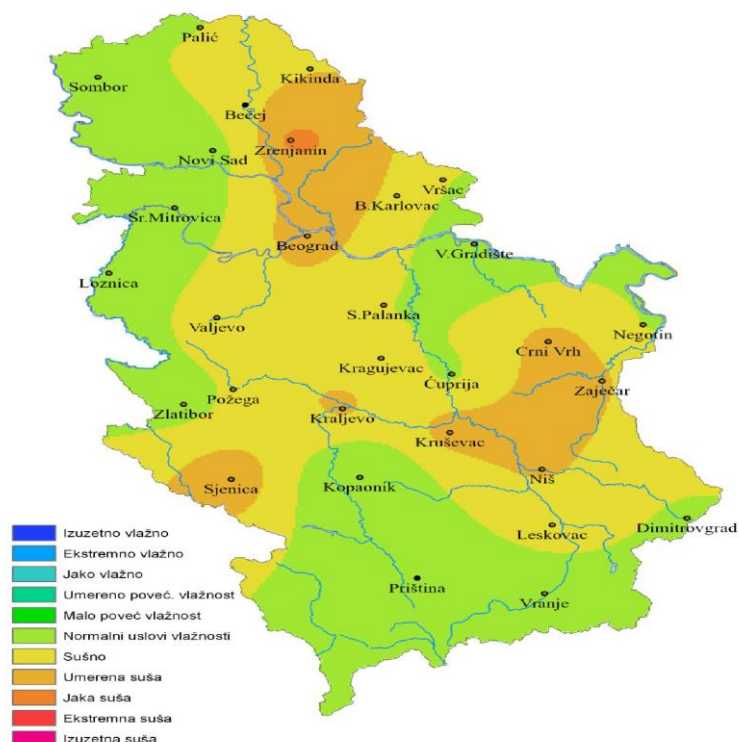
Veoma povoljni agrometeorološki uslovi obeležili su 2016. godinu. Period proleća za (mart-maj) karakterisalo je toplije vreme nego što je uobičajeno za ovaj period, a količine padavina prevazišle su višegodišnji prosek. Mart je bio topao i kišovit, april još topliji i suv dok je maj bio hladniji i sa više kiše u odnosu na prosek. Tokom leta 2016 period (jun-avgust), zabeleženo je toplije vreme od uobičajenog sa većom količinom padavina u odnosu na višegodišnji prosek. Pored zadovoljavajućih količina padavina ovo leto karakteriše i ravnomerna distribucija padavina. Kiše na svakih deset dana odgovarale su normi navodnjavanja (10 - 15 mm). Najtopliji period leta zabeležen je od kraja juna i u prvoj polovini jula kada su maksimalne dnevne temperature pojedinih dana dostizale 36°C. U avgustu tokom druge dekade prosečne temperature vazduha su bile ispod prosečnih vrednosti. Minimalne jutarnje temperature su bile znatno ispod proseka za ovaj deo godine, a maksimalne temperature vazduha su bile oko 28°C. Septembar 2016. je obeležilo znatno toplije vreme sa više padavina u odnosu na prosečne uslove. Šestomesečni indeks padavina (SPI-6) za ovaj period pokazuje normalne uslove vlažnosti na najvećem delu teritorije Vojvodine, u Pomoravlju, Negotinskoj Krajini i na jugoistoku Srbije, dok je u ostalom delu zemlje vladala umerena do jaka suša (Slika 1).



Slika 1. Uslovi vlažnosti za vegetacioni period 2016. godine (april – septembar) procenjena na osnovu SPI – 6 *Izvor: RHMZS*

5.2.2. Agrometeorološki uslovi 2017. godine

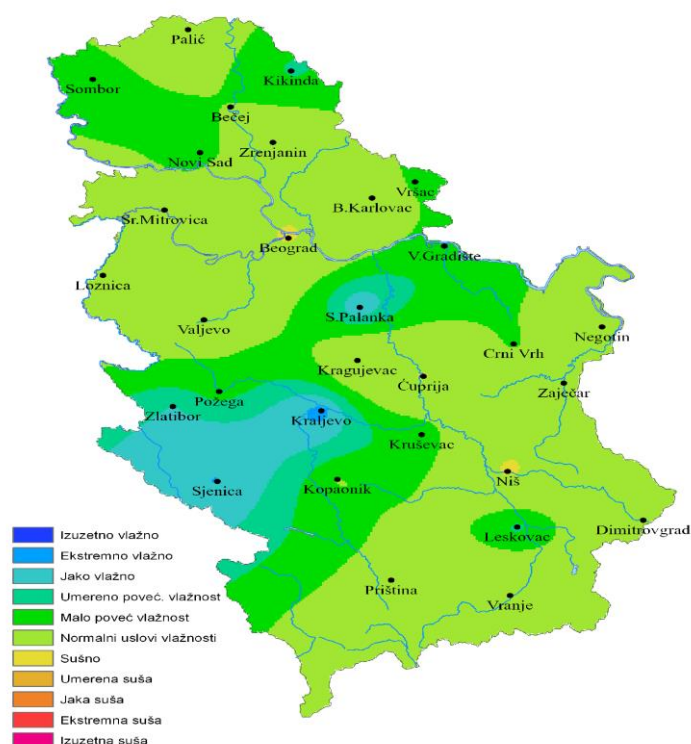
Januar 2017. bio je izuzetno hladan i beleže se temperature do -23°C u pojedinim predelima, kao i prisustvo snežnog pokrivača u prvoj polovini meseca. Nastavak zime bio je blag i topao. Proleće 2017. (mart-maj) je u početku bilo značajno toplo, a zatim je usledilo promenljivo vreme sa velikim kolebanjima temperatura u aprilu kao i prosečno topao maj. Zabeležena je veća količina padavina nego što je uobičajeno za prolećne mesece. Leto 2017. (jun-avgust), bilo je toplije i suvlje u odnosu na prosečne uslove. Padavine su bile neujednačene i po količini kao i teritorijalnoj raspodeli. U određenim predelima Srbije izmereno je od 50 do 450 mm padavina tokom letnjih meseci, a temperature su se kretale od 35°C do 40°C . Od aprila do septembra izmereno je prosečno za Srbiju oko 310 mm padavina, za 20% manje od prosečnih vrednosti. Uslovi vlažnosti u Srbiji, procenjeni na osnovu Standardizovanog padavinskog indeksa (SPI-6) (Slika 2), bili su najnepovoljniji u delu Banata, regionu Beograda i dolini Velike Morave. Toplo vreme se nastavilo i u septembru sa prosekom oko 30°C . Zrenje većine ratarskih vrsta bilo je ubrzano te je stoga izostao i kvalitet i kvantitet. Vegetacioni period 2017. (april-septembar) bio je topliji i suvlji u odnosu na prosečne uslove. Dominantna je bila suša koja je nanela velike štete kukuruzu, te je prosečan rod zabeležen u Srbiji bio za 30% niži u odnosu na prosečne uslove. Posledice suše posebno su bile izražene u srednjem Banatu, delu Srema i Pomoravlju.



Slika 2. Uslovi vlažnosti za vegetacioni period 2017. godine (april – septembar) procenjena na osnovu SPI – 6 Izvor: RHMZS

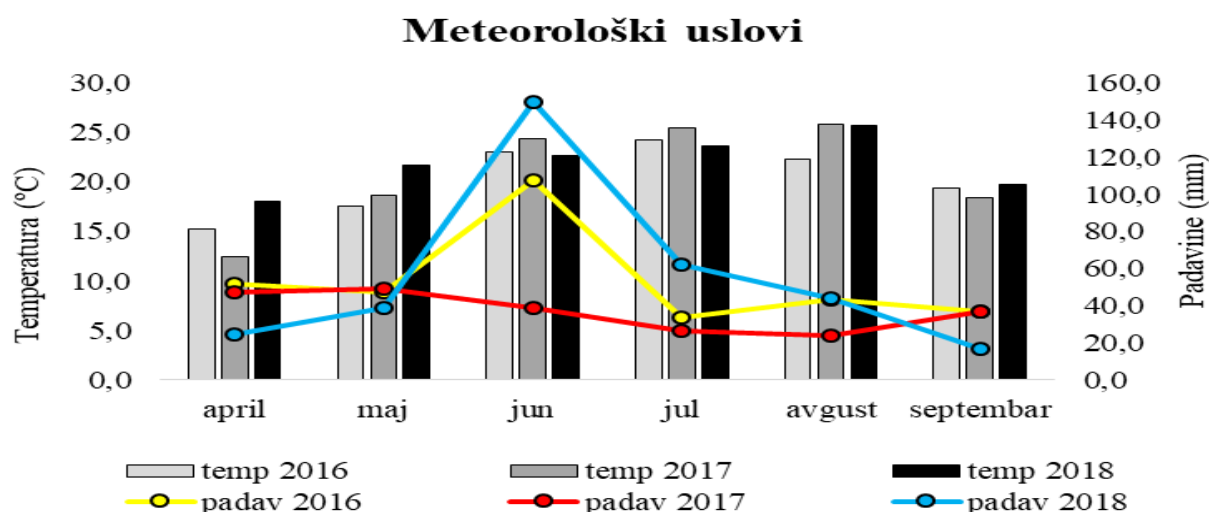
5.2.3. Agrometeorološki uslovi 2018. godine

Proleće 2018. godine (mart-maj) započelo je hladnijim vremenom od uobičajenog. Za razliku od hladnog marta, april i maj su bili topliji nego što je uobičajeno. Leto (jun-avgust) bilo je toplije i vlažnije u odnosu na prosečne uslove. Do polovine juna temperature vazduha su bile visoke, a naročito maksimalne dnevne temperature koje su bile između 28 i 34°C. U drugoj polovini meseca došlo je do zahlađenja i pada temperatura. U poslednjih desetak dana minimalne temperature bile su u rasponu od 8 do 12°C, a maksimalne od 19 do 24°C. Tokom juna bilo je čestih pljuskova. Prosečno topao jul sa dva do tri puta više padavina u odnosu na uobičajene vrednosti. Kraj jula i početak avgusta obeležilo je toplo, sparno i nestabilno vreme. Toplotni uslovi u nastavku meseca pogodovali su naročito kukuruzu koji se nalazio u fazi cvetanja i koji za visoke prinose, pored toplog vremena, zahteva visoku vlažnost zemljišta i vazduha. Avgust se odlikovao svakodnevnim i obilnim padavinama. Septembar, poslednji mesec perioda vegetacije, obeležilo je toplo, pretežno sunčano i uglavnom suvo vreme do 34°C. Takvi vremenski uslovi omogućili su izuzetnu rodost i 15% više prinose kukuruza u odnosu na višegodišnji prosek. Krajem meseca zabeleženi su, neuobičajeno rano za naš klimat, prvi jesenji mrazovi, do -2°C na 2 m visine i do -5°C u prizemnom sloju vazduha. Vegetacioni period (april-septembar) bio je topliji i nešto vlažniji u odnosu na prosečne uslove. Od aprila do septembra zabeleženo je prosečno za Srbiju oko 400 mm padavina, što je oko 10% više od prosečnih vrednosti. Standardizovani padavinski indeks (SPI-6) (Slika 3) pokazuje normalne uslove vlažnosti na većem delu teritorije Srbije.



Slika 3. Uslovi vlažnosti za vegetacioni period 2018. godine (april – septembar) procenjena na osnovu SPI – 6 Izvor: RHMZS

Mesečni podaci o visini temperature za period april-septembar, na lokaciji Zemun Polje, ukazuju da je 2018. godina bila najtoplija sa prosečnom temperaturom od 21,9 °C, dok su u 2017. i 2016. godini izmerene nešto niže prosečne temperature od 20,6 °C i 20,3 °C. Ukupne količine padavina za ovaj šestomesečni period bile su najviše u 2018.godini (336,5 mm), zatim u 2016. (320,1 mm), a najmanje u 2017. godini (222,3 mm) (Grafik 1).



Grafik 1. Klima dijagram po Walter-u za vegetacioni period kururuza (april-septembar) u toku 2016-2018. godine

Topao i suv april i hladniji maj sa više padavina u odnosu na prosek, obeležili su 2016. godinu. Temperature u aprilu 2017. godine bile su dosta niske, nisu prelazile 15 °C, a najviše padavina tokom godine bilo je u maju mesecu. Period april-maj bio je najtopliji i sa najmanje padavina 2018. godine.

Više prolećne temperature i niže količine padavina su ovu godinu učinile povoljnijom za setvu kukuruza u odnosu na prethodne dve godine.

U fazi rasta i razvoja nadzemne mase kukuruza kao i u toku polinacije u junu mesecu, najviša prosečna temperatura 24,4 °C kao i najmanja količina padavina 39 mm zabeležena je 2017. godine. Nešto niža prosečna temperatura 23 °C i 107,4 mm padavina koja prelazi višegodišnji prosek obeležile su 2016. godinu. Najniža prosečna temperatura i visoke količine padavina izmerene su 2018. godine.

Tokom jula i avgusta najviše temperature i najmanje količine padavina izmerene su 2017. Nešto niže temperature i najveće količine padavina izmerene su 2018. godine, dok je 2016. godinu obeležilo toplije vreme od uobičajenog sa većom količinom padavina u odnosu na višegodišnji prosek.

Bez obzira što 2017. godina nije bila najtoplija, izuzetno topao jul i avgust kao i male količine ukupnih padavina jasno ukazuju na izuzetno sušnu godinu. Po količini i rasporedu padavina kao i visini prosečnih mesečnih temperatura vazduha u toku vegetacionog perioda (april-septembar), 2017. godina se dosta razlikovala od 2016. i 2018. godine.

5.3. Dizajn poljskih ogleda

Eksperiment je izveden u trogodišnjem poljskom ogledu (od 2016. do 2018.) godine, u Zemun Polju (44°52's.g.š., 20°19'i.g.d., 81 m n.v.), na humusno-akumulativnom zemljištu tipa černoze. Primenjene su standardne agro-tehničke mere za proizvodnju kukuruza. Svaka linija kukuruza je posejana ručno u četiri reda, na međurednom rastojanju 0,75 m, sa 20 biljaka po redu, u dve gustine (g1-30 cm i g2-40 cm) tj. (88.800 b ha⁻¹ i 66.700 b ha⁻¹), u dva aprilska roka setve (desetodnevni interval između rokova) i dva ponavljanja, prema kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD). U sve tri godine sva potrebna merenja i vizuelno ocenjivanje osobina rađeno je na 20 randomski odabranih biljaka iz dva centralna reda za svako ponavljanje tj. ukupno 160 biljaka po genotipu.

5.4. Agro-morfološka karakterizacija i procena uniformnosti po UPOV deskriptoru

Međunarodna Unija za Zaštitu novih biljnih sorti (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*, UPOV), predstavlja set normativa za morfološku karakterizaciju novih sorti ekonomski značajnih biljnih vrsta, uključujući i kukuruz. U ovom eksperimentu praćene su: kvalitativne (QL), kvantitativne (QN) i pseudokvalitativne (PQ), ukupno 32 osobine. U sve tri godine rađena je morfološka karakterizacija na osnovu mernih (MO) i vizuelnih (VO), dok je procena uniformnosti rađena na osnovu vizuelnih ocena, (Tabela 2), (UPOV, 2009).

Tabela 2. Lista posmatranih osobina po UPOV deskriptoru, Interval Ocena po Deskriptoru (IOD), Faza Razvoja za Ocenjivanje (FRO) i Tip Posmatranja (TP)

Br	Naziv osobina	FRO	TP	IOD
1	Antocijani lisnog rukavca	Prva četiri lista	VO	1-9
2	Oblik vrha prvih listova	Prva četiri lista	VO	1-5
3	Intenzitet zelene boje	Vidljiva metlica	VO	1-3
4	Talosasost ivice lista	Vidljiva metlica	VO	1-3
5	Ugao između stabla i lista	Metličenje	VO	1-9
6	Položaj lista	Metličenje	VO	1-9
7	Stepen (cik-caka)	Metličenje	VO	1-3
9	Antocijani u osnovi pleve	Metličenje	VO	1-9
10	Antocijani na plevi bez osnove	Metličenje	VO	1-9
11	Antocijani na svežim anterama	Metličenje	VO	1-9
12	Ugao glavne i bočnih grana metlice	Metličenje	VO	1-9
13	Savijenost bočnih grana metlice	Metličenje	VO	1-9
14	Br. primarnih bočnih grana metlice	Metličenje	MO	Br.
16	Intenzitet antocijana svile	Cvetanje 50%	VO	1-9
17	Intez. antoc. vazdušnih korenova	Kraj cvet., poč. mleč.zrel.	VO	1-9
18	Gustina plevica	Kraj cvetanja	VO	3-7
19	Antocijani lisnog rukavca	Početak mlečne zrel.	VO	1-9
20	Antocijn. obojenost internodija	Početak mlečne zrel.	VO	1-9
21	Duž. glav. ose metl. od najniže boč. grane	Početak mlečne zrel.	MO	cm
22	Dužina glav.ose metl. od najviše bočne grane	Početak mlečne zrel.	MO	cm
23	Dužina bočnih grana metlice	Početak mlečne zrel.	MO	cm
24	Visina biljke	Kraj mleč. poč.vošt.zrel.	MO	cm
26	Širina klipnog lista	Kraj mleč. poč. vošt. zrel.	MO	cm
27	Dužina klipnog lista	Kraj mleč. poč. vošt. zrel.	MO	cm
28	Dužina klipa	Nakon berbe	MO	cm
29	Prečnik klipa	Nakon berbe	MO	cm
30	Oblik klipa	Nakon berbe	VO	1-3
31	Broj redova zrna	Nakon berbe	MO	Br.
36	Tip zrna	Nakon berbe	VO	1-9
38	Boja zrna u osnovi (do koćanke)	Nakon berbe	VO	1-9
39	Boja na zrna na vrhu	Nakon berbe	VO	1-9
41	Antoc. obojenost. koćanke	Nakon berbe	VO	1-9

VO – vizuelna ocena većeg broja pojedinačnih biljaka ili delova biljaka; MO – metričke osobine većeg broja pojedinačnih biljaka ili delova biljaka; Br – broj osobine po UPOV descriptoru

Pored osobina iz deskriptora, u fazi kada se kukuruz nalazio na kraju mlečne i početku voštane zrelosti, merena je visina primarnog klipa (cm) od nivoa zemlje do kolenca koji nosi najviši klip i beležen broj listova biljaka iznad primarnog klipa, uključujući i list kod klipa. Iz razlike visine biljke do vrha metlice i dužina glavnih osa metlice izračunate su visine biljke do najniže i do najviše bočne grane metlice. Od komponenata prinosa rađen je i: prečnik koćanke (cm), broj zrna u redu, širina, dužina, debljina zrna (cm) i masa 100 zrna (g). Komponente prinosa merene su na 10 nasumično izabranih klipova po genotipu.

Kao veoma važan parametar utvrđen je i interval između metličanja i svilanja ASI– *Anthesis Silking Interval*. Vrednost ovog parametra predstavlja razliku u broju dana između metličanja i svilanja, a dobija se oduzimanjem datuma metličanja od datuma svilanja. Pojava polena na bar 50% metlica tj. svile dužine oko 2 cm na klipovima kukuruza označava datum metličanja tj. svilanja.

Na uzorku od pet klipova izmerena je vlaga, težina klipa i težina oklaska. Za svaku inbred liniju nakon ručne berbe izmeren je prinos zrna izražen u g/biljka i preračunat na 14% vlage.

Sadržaj vlage zrna (%) u momentu berbe meren je na vlagomeru Dickey John GAC 2100 Agri Moisture Tester.

Po (UPOV, 2009) deskriptoru u cilju procene uniformnosti i stabilnosti genotipova predviđene su dve uzastopne godine testiranja na istoj lokaciji. S obzirom da je 2017. godina bila sušna u odnosu na prvu godinu testiranja 2016., ogled je ponovljen i 2018. godine.

Tip varijacije u ispoljavanju određene morfološke karakteristike unutar vrste, određuje kako se ta osobina koristi za procenu uniformnosti. Prema načinu razmnožavanja vrste i tipu ispoljavanja osobina (QL, QN i PQ), uniformnost može biti procenjena na osnovu Off-type i STDEV (*Standard Deviation*) pristupa (UPOV, 2019a). U deskriptoru se u slučaju inbred linija i *single-cross* hibrida kukuruza ističe značajnost vizuelnih ocena u proceni uniformnosti uz mogućnost primene i STDEV pristupa. Takođe je istaknuto da bez obzira na ukupan broj biljaka koje se testiraju u okviru oglada, obe metode procene se mogu sprovesti na uzorku (UPOV, 2019b).

Za procenu uniformnosti inbred linija kukuruza primenjen je *Off-type* pristup (OT) za vizuelno (VO) procenjene osobine (Tabela 2). Broj biljaka van tipa, tj. broj OT koji se može tolerisati u zavisnosti od veličine uzorka često se zasniva na fiksnom „populacionom standardu“ („*population standard*“) i „verovatnoći prihvatanja“, („*acceptance probability*“). Za procenu uniformnosti inbred linija primenjen je populacioni standard od 3% sa verovatnoćom prihvatanja od najmanje 95% (UPOV, 2019b). Naime, za uzorak od 160 biljaka (kao što je bio slučaj u ovom eksperimentu), dozvoljeno je devet OT biljaka. „Populacioni standard“ se može izraziti kao maksimalni dozvoljeni procenat biljaka van tipa u odnosu na ukupan broj posmatranih biljaka genotipa. „Verovatnoća prihvatanja“ je minimalna verovatnoća prihvatanja sorte kao uniformne sa populacionim standardom off-type biljaka. Bez obzira na broj morfoloških osobina za koje biljka ima očigledno drugačije ispoljavanje od originalnog sortnog tipa, ona će se računati samo kao jedna OT biljka. Iako za procenu stabilnosti ne postoji jasno definisan test, kod većine biljnih vrsta se u praksi pokazalo da se uniforman genotip može smatrati stabilnim.

5.5. Procena genetičke uniformnosti proteinskim markerima

Za ispitivanje genetičke uniformnosti samooplodnih linija primenjeno je Ultra Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje (UTLIEF) prema važećim ISTA pravilima. Vodno rastvorljivi (albumin) i rastvorljivi u alkoholu (prolamini) rezervni proteini, ekstrahovani su iz pojedinačnih semena kukuruza i razdvajani na ultra tankoslojnim poliakrilamidnim gelovima pomoću izoelektričnog fokusiranja.

5.5.1. Priprema uzoraka

Po 100 pojedinačnih semena svih analiziranih inbred linija je samleveno korišćenjem mlina Kataskapt Mach. 1/2010 (LUFA Augustenberg). Nakon mlevenja, po ~ 50 g svakog pojedinačnog semena ispitivanog uzorka je smeštano u pojedinačne bunarčiće mikrotitar ploče (Greiner bio-one, no. 650101, 96 well microtitar plate). U svaki bunarčić mikrotitar ploče koji sadrži samlevena semena kukuruza alikvotirano je po 250 µl redestilovane H₂O (izolacija albumina), odnosno 250 µl 30% 2-hloretnola (izolacija prolamina). Nakon inkubacije od 60 minuta, na sobnoj temperaturi i ultrasonikacije na 40 MHz u trajanju od 30 sekundi, bistri supernatant je dobijen centrifugiranjem na 2000 rpm, uz hlađenje na 15°C u trajanju od 20 minuta.

5.5.2. Ultra-Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje (UTLIEF)

Razdvajanje rezervnih proteina semena rađeno je na poliakrilamidnim UTLIEF-PAGE gelovima, debljine 0,12 mm, pripremljenim na potpornoj foliji (Gel-Fix for PAG, Serva) prema metodi Radole (1980). Rastvor za polimerizaciju 10 poliakrilamidnih gelova, dimenzija 240 mm x 180 mm x 0,12 mm sastojao se od 16 g uree, 50 ml akrilamid/bis rastvora (T = 6,8%, C = 2,5%), 4.4 ml amfolita pH 5-8/2-11 (Servalytes 5-8 i 2-11, Serva), 50 µL N,N,N',N'-Tetramethylethylenediamina i 350 µL 20% (w/v) amonium persulfata. Polimerizacija gelova je trajala 60 minuta na sobnoj temperaturi. Gelovi, na potpornoj foliji, su postavljani na rashladnu ploču komore za elektroforezu (Multiphor III, GE Helathcare). Dve elektrodne trake saturisane anodnim rastvorom (0,33% L-asparaginska kiselina, 0,37% L-glutaminska kiselina) su polagane na suprotne krajeve gela, dok je jedna elektrodna traka saturisana katodnim rastvorom (0,47% L-arginin, 0,36% L-lizin, 12% etilendiamin) pozicionirana na

sredinu gela. Aplikatori (IEF/SDS sample applicator strip, 52S, GE Healthcare) za uzorke postavljani su na gel sa 0.5 cm razmaka od anodnih elektrodnih traka. U pojedinačne bunarčiće aplikatora pipetirano je po 20 µl supernatanta sa albuminskom frakcijom, odnosno 22 µl sa prolaminskom frakcijom proteina pojedinačnih semena ispitivanih genotipova kukuruza. Duplo Ultra-Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje je izvedeno prema programu prikazanom u tabeli 4, uz konstantno hlađenje na 6-6,5°C.

Tabela 3. Program za duplo Ultra-Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje rezervnih proteina semena kukuruza.

Faza	Volt	miliAmper	2 komore		1 komora
			Watt	Trajanje (min)	Watt
1	1000	50	3	10	2
2	1000	70	5	10	3
3	1000	80	15	10	8
4	1500	100	30	10	15
5	2000	120	45	10	22
6	2500	140	60	10	26
7	3000	150	70	10	30
8	1000	50	10	-	5

Nakon fokusiranja, gelovi su fiksirani u 12% (v/v) trihlorosirćetne kiseline tokom 20 minuta, zatim bojani u Coomassie Brilliant Blue (CBR) rastvoru (0,015% (v/v) CBR R 250 i 0,045% (v/v) CBR G 250, 11% (v/v) sirćetne kiseline, 18% (v/v) etanola i 71% (v/v) ddH₂O) u trajanju od 50 minuta. Nakon odbojavanja 10 minuta u odbojivaču (30% (v/v) etanola, 5% (v/v) sirćetne kiseline i 65% (v/v) ddH₂O) gelovi su ispirani destilovanom vodom i sušeni na sobnoj temperaturi preko noći.

5.5.3. Čitanje gelova i prikaz rezultata

Ispitivanje uniformnosti varijeteta izvodi se međusobnim poređenjem proteinskih profila pojedinačnih semena u okviru svake ispitivane inbred linije kukuruza. Ultratankoslojno izoelektrično fokusiranje različitih frakcija rezervnih proteina semena (prolamini i albumini) svakog analiziranog genotipa se izvodi na posebnim gelovima koji se međusobno porede. Da bi ispitivani genotip bio ocenjen kao uniforman pojedinačne proteinske trake svakog semena u okviru jednog elektroforegrama moraju biti identične. Svako odstupanje od ovog pravila ukazuje na genetičku neujednačenost analiziranog materijala.

5.6. Procena genetičke uniformnosti SSR markerima

5.6.1. Izolacija DNK molekula

Radi utvrđivanja genetičke uniformnosti ispitivanih inbred linija urađena je molekularna analiza pomoću seta od osam SSR markera propisanih od strane ISTA (2018) za verifikaciju genotipova kukuruza (Tabela 5).

Tabela 4. Spisak SSR markera korišćenih za procenu genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza

SSR markeri	Bin	Ponovak	Sekvenca prajmera (<i>forward</i>) (5'-3')	Sekvenca prajmera (<i>reverse</i>) (5'-3')
<i>phi109275</i>	1.03	AGCT	CGGTTTCATGCTAGCTCTGC	GTTGTGGCTGTGGTGGTG
<i>phi083</i>	2.04	AGCT	CAAACATCAGCCAGAGACAAGGAC	ATTCATCGACGCGTCACAGTCTACT
<i>umc1448</i>	2.04	(GCT)5	ATCCTCTCATCTTTAGGTCCACCG	CATATACAGTCTCTTCTGGCTGCTCA
<i>phi102228</i>	3.06	AAGC	ATTCCGACGCAATCAACA	TTCATCTCCTCCAGGAGCCTT
<i>umc1117</i>	4.04	(TCGCA)4	AATTCTAGTCCTGGGTCGGAAGCTC	CGTGGCCGTGGAGTCTACTACT
<i>umc1545</i>	7.00	(AAGA)4	GAAAACTGCATCAACAACAAGCTG	ATTGGTTGGTTCTTGCTTCCATTA
<i>phi015</i>	8.08	AAAC	GCAACGTACCGTACCTTTCCGA	ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG
<i>umc1061</i>	10.06	(TCG)6	AGCAGGAGTACCCATGAAAGTCC	TATCACAGCACGAAGCGATAGATG

Izolacija DNK kukuruza urađena je uz pomoć komercijalnog kita *NucleoSpin II MACHEREY-NAGEL*, prema predloženom protokolu. Svaka inbred linija predstavljena je sa po 20 pojedinačnih biljaka (semena). Uzorci semena su samleveni u mlinu za simultano mlevenje pojedinačnog zrana (Kataskapt), nakon čega je napravljen grupni uzorak (*bulk*) od kojeg je odmereno je po 100 mg brašna za izolaciju DNK. Tehnika izolacije DNK se kod ovog komercijalnog paketa zasniva na principu silikatne membrane i koloni za eluciju. Ključni koraci su liziranje ćelija u prisustvu ribonukleaze A i odgovarajućih pufera 10 minuta na 65°C u vodenom kupatilu, zatim sledi filtracija uzorka kroz odgovarajuću membranu 2 minuta na 10000 rpm (*Eppendorf 5417R*), zatim tretiranje filtrata odgovarajućim puferom za vezivanje DNK. Propuštanjem uzorka kroz membranu za vezivanje DNK od 1 minuta na 10000 rpm, uzorci su spremni za naredna tri koraka ispiranja od nečistoća pomoću pufera kojima je dodat etanol po 1 minut na 10000 rpm. U poslednjem koraku urađena je elucija prečišćene DNK puferom iz kompleta na 65°C u vodenom kupatilu 5 minuta nakon čega su centrifugirani 1 minut na 10000 rpm. Dobijena DNK je spremna za dalju analizu i čuvna je na -20°C.

5.6.2. Amplifikacija DNK

Lančanom reakcijom polimeraze (PCR) umnožene su mikrosatelitske sekvence odabranih markera u PCR pločama sa 96 mesta u aparatu *Biometra TProfessional Standard 96*. Reakcija amplifikacije je izvedena u 25 µl reakcionoj smeši koja je sadržala *DreamTaq™ Green PCR Master Mix (2X)* (*Thermo Scientific, Valtham, MA, USA*), 0,5 µM prajmera i 1 µL DNK. Amplifikacija je sprovedena korišćenjem programa „Touchdown“ na sledeći način: početna denaturacija na 94°C/10 min, nakon čega sledi 10 ciklusa denaturacije na 94°C/30 s, vezivanje prajmera (eng. *-annealing*) na 64°C/1 min (-1°C/ciklus) i elongacija na 72°C/30 s; izvršeno je još 30 ciklusa od 94°C/30 s, 55°C/30 s i 72°C/30 s. Konačno elongacija je izvedena na 72°C tokom 10 min.

5.6.3. Poliakrilamidna elektroforeza

Amplifikovani fragmenti su razdvojeni na 8% poliakrilamidnim gelovima (30% akrilamid, 5 x TBE, 10% amonijum persulfat i TEMED — tetrametilendiamin i bidestilovane vode) uz pomoć 20 bp DNK markera (*Thermo Scientific*) na vertikalnom sistemu gela (*Mini Protean Tetra-Cell BioRad, Hercules, Kalifornija, SAD*). Na gel je nanošeno po 8 µL PCR smeše, a gelovi su obojeni 20 minuta 0,5 µg/µL etidijum bromidom. Elektroforeza se odvijala u 0,5xTBE (deset puta razblažen 5xTBE pufer - 445mM Tris; 445mM Borna kiselina, 0,5M EDTA, pH 8,0) i trajala je 60 minuta konstantnim konstantnom naponom strujom od 60 mA. Gelovi su fotografisani pod UV svetlom transiluminatora korišćenjem sistema za dokumentaciju gela *BioDocAnalyze (BDA)* (*Biometra, Göttingen, Nemačka*) i određeni su SSR profili za svaki prajmer. Razdvojeni fragmenti DNK su uočavaju na različitim pozicijama na gelu u zavisnosti od veličine umnoženog fragmenta.

U slučaju uočene heterozigotnosti kod grupnih uzoraka pojedinih linija, primenjena je metoda izolacije DNK iz 20 pojedinačnih biljaka (semena) i ponovljena je PCR amplifikacija za prajmere koji su pokazali nespecifičnu heterozigotnost (neuniformnost).

5.7. Statistička analiza fenotipskih podataka

Rezultati ispitivanih agro-morfoloških osobina obrađeni su primenom četvorofaktorijalne analize varijanse (ANOVA), po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD), u dva ponavljanja.

Varijabilnost analiziranih osobina procenjena je na osnovu vrednosti srednjih apsolutnih odstupanja od proseka (standardna devijacija – SD) i relativne mere varijacije (koeficijent varijacije – CV). Za svaku osobinu utvrđena je i najmanja značajna razlika korišćenjem Fisher-ovog (*Least Significant Difference Test, LSD*) testa.

Izračunate su fenotipske korelacije između posmatranih agro-morfoloških osobina primenom Pearson-ovog koeficijenta korelacije:

$$r = \frac{\sum (x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x - \bar{x})^2 \sum (y - \bar{y})^2}}$$

Grupisanje ispitivanih inbred linija kukuruza na osnovu analiziranih osobina urađeno je pomoću faktorske analize glavnih komponentata (*Principal Component Analysis, PCA*). Statistička analiza rađena je u SPSS 22.0 softverskom paketu.

Stabilnost genotipova u pogledu prinosa, procenjena je analizom varijanse (*Additive Main-effects and Multiplicative Interaction Models, AMMI*) modela. Ova metoda predstavlja kombinaciju analize varijanse (ANOVA) i PCA metode. Analizom varijanse se izdvajaju glavni efekti (genotip i godina), a PCA metodom se razlaže višestruka interakcija (genotip x godina). AMMI analiza je rađena u programu GenStat 12th Edition.

VI

REZULTATI I DISKUSIJA

6.1. Agro–morfološka karakterizacija

Uspeh komercijalne proizvodnje semena bilo kog hibrida kukuruza zavisi od mnogo faktora uključujući i karakteristike njihovih roditeljskih komponenata (inbred linija) (Pinnisch i sar., 2012b). Odgovor biljke na date agro-ekološke uslove je od suštinskog značaja za unapređenje efikasnosti proizvodnje kukuruza (Kravić i sar., 2015). Različiti genotipovi različito reaguju na faktore spoljašnje sredine prilagođavajući se postojećim uslovima što se odražava na njihove fenotipske karakteristike (Fu i Wang, 2023). Osetljivost inbred linija na uticaj faktora spoljašnje sredine utiče na promene agro-morfoloških karakteristika kao rezultat interakcijskih odnosa genotipa i okruženja. U poređenju sa sortama ili hibridima kukuruza, inbred linije usled visokog stepena homozigotnosti obično imaju niže biljke, slabiji vigor, tanje stablo, manje matlice i klipove i niži prinos. Veća podložnost genotipa biotičkom i abiotičkom stresu često dovodi do problema u semenskoj proizvodnji (González Guzmán i sar., 2022). Da bi se negativan uticaj spoljašnjih faktora izbegao u cilju ostvarenja visokih i stabilnih prinosa genotipovi se testiraju u multilokacijskim i/ili višesezonskim ogledima. Praćenje morfoloških osobina u polju je bilo i ostaće, najšire korišćen pristup za opis sorti, identifikaciju i praćenje uniformnosti (Babić i sar., 2022).

6.1.1. Analiza varijanse za morfološke osobine

Četvorofaktorijalnom analizom varijanse ispitana je značajnost uticaja faktora: genotip (A), godina (B), gustina (C) i rok (D) i njihovih interakcija na variranje morfoloških osobina 15 inbred linija kukuruza. Nivoi značajnosti sredina kvadrata faktora, njihovih interakcija kao i vrednosti koeficijenata varijacije (CV) analiziranih osobina, prikazani su u Tabelama 5a i 5b.

Tabela 5a. Analiza varijanse morfoloških osobina evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza (Faktor A) u trogodišnjem poljskom ogledu (Faktor B), sa dve gustine (Faktor C) i dva roka setve (Faktor D), u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Izvor variranja	df	VB		VB1		VB2		VK		DL		SL		BRL	
		MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p
Faktor A	14	6267,353	< 0,001	5435,763	< 0,001	4920,602	< 0,001	3050,495	< 0,001	339,665	< 0,001	10,324	< 0,001	16,734	< 0,001
Faktor B	2	63105,569	< 0,001	55337,909	< 0,001	58457,242	< 0,001	9584,533	< 0,001	1515,863	< 0,001	18,036	< 0,001	2,387	< 0,001
AxB	28	784,768	< 0,001	717,151	< 0,001	745,434	< 0,001	285,687	< 0,001	46,355	< 0,001	1,174	< 0,001	0,343	< 0,001
Faktor C	1	0,084	< 0,001	40,401	nz	14,161	< 0,001	385,434	< 0,001	4,053	nz	0,005	< 0,001	0,084	nz
AxC	14	148,169	< 0,001	141,477	< 0,001	137,973	< 0,001	56,129	< 0,001	9,243	< 0,001	0,354	< 0,001	0,140	< 0,001
BxC	2	126,805	< 0,001	152,919	< 0,01	89,779	< 0,001	12,678	< 0,001	20,950	< 0,01	0,137	nz	0,320	< 0,01
AxBxC	28	168,537	< 0,001	152,386	< 0,001	149,949	< 0,05	55,507	< 0,001	13,258	< 0,001	0,261	< 0,001	0,170	< 0,001
Faktor D	1	166,056	< 0,001	34,844	nz	114,244	< 0,001	7,656	< 0,001	14,722	< 0,05	8,311	< 0,001	0,008	< 0,001
AxD	14	86,656	< 0,01	83,235	< 0,001	93,335	< 0,05	49,205	< 0,01	8,335	< 0,01	0,499	< 0,001	0,074	nz
BxD	2	192,390	< 0,01	616,921	< 0,001	451,440	< 0,001	424,900	< 0,001	3,565	nz	0,425	< 0,05	0,263	< 0,01
AxBxD	28	131,012	< 0,001	113,718	< 0,001	114,395	< 0,001	41,534	< 0,001	4,115	nz	0,306	< 0,001	0,148	< 0,001
CxD	1	178,506	< 0,05	226,893	< 0,01	223,414	< 0,001	213,906	< 0,001	41,888	< 0,001	1,695	< 0,001	0,030	< 0,001
AxCxD	14	54,642	nz	42,335	nz	52,658	< 0,01	8,259	< 0,001	3,094	< 0,001	0,240	< 0,001	0,083	nz
BxCxD	2	264,440	< 0,001	270,515	< 0,001	254,100	< 0,05	122,533	< 0,001	21,136	< 0,01	0,304	< 0,05	0,100	nz
AxBxCxD	28	45,160	< 0,001	42,509	nz	41,927	< 0,001	23,551	< 0,05	6,377	< 0,01	0,210	< 0,001	0,114	< 0,001
CV (%)		3,29		3,75		3,51		6,70		2,44		4,01		3,53	

Legenda: df – stepeni slobode; MSq – sredina kvadrata; p – nivo značajnosti; VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; BRL – broj listova; CV – koeficijent varijacije; nz – nije statistički značajno.

Tabela 5b. Analiza varijanse morfoloških osobina evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza (Faktor A) u trogodišnjem poljskom ogledu (Faktor B), sa dve gustine (Faktor C) i dva roka setve (Faktor D), u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Izvor variranja	df	MAX		MIN		DGM		BGM	
		MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>
Faktor A	14	463,782	< 0,001	437,514	< 0,001	253,644	< 0,001	288,999	< 0,001
Faktor B	2	269,969	< 0,001	91,274	< 0,001	225,894	< 0,001	31,513	< 0,001
AxB	28	12,215	< 0,001	12,425	< 0,001	6,302	< 0,001	7,091	< 0,001
Faktor C	1	33,245	< 0,001	11,307	nz	4,247	< 0,05	1,145	nz
AxC	14	2,329	nz	1,161	< 0,001	3,764	< 0,001	5,249	< 0,001
BxC	2	2,717	nz	3,355	nz	19,865	< 0,001	11,224	< 0,001
AxBxC	28	6,890	< 0,001	3,450	< 0,001	1,722	< 0,05	5,593	< 0,001
Faktor D	1	34,472	< 0,001	2,116	nz	10,851	< 0,01	0,148	< 0,001
AxD	14	4,922	< 0,001	4,848	< 0,001	0,948	< 0,001	5,395	< 0,001
BxD	2	139,895	< 0,001	66,233	< 0,001	10,901	< 0,001	5,297	< 0,01
AxBxD	28	4,081	< 0,001	6,491	< 0,001	1,990	< 0,01	2,248	< 0,001
CxD	1	3,803	nz	2,988	nz	16,341	< 0,001	0,910	< 0,001
AxCxD	14	4,740	< 0,001	2,213	nz	3,140	< 0,001	2,094	< 0,05
BxCxD	2	0,446	< 0,001	1,644	nz	7,983	< 0,001	17,547	< 0,001
AxBxCxD	28	2,980	< 0,01	2,985	< 0,01	2,304	< 0,001	4,137	< 0,05
CV (%)		3,95		5,27		7,51		11,33	

Legenda: df – stepeni slobode; MSq – sredina kvadrata; *p* – nivo značajnosti; MAX – Dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – Dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – Dužina primarne bočne grane metlice; BGM – Broj primarnih grana metlice; CV – koeficijent varijacije; nz – nije statistički značajno.

Dobijeni rezultati analize varijanse ukazuju na visoko značajne vrednosti ($p \leq 0.001$) sredine kvadrata genotipova (A), godina (B) i interakcije genotip x godina (A x B) za sve analizirane morfološke osobine.

Do istih rezultata došli su Li i sar. (2018) izučavajući uticaj više lokacija, različitih gustina i rokova setve na 25 agro-morfoloških osobina 47 hibrida kukuruza i njihovih roditeljskih komponenata. Tom prilikom su istakli i veću tolerantnost heterozigota (hibrida) u odnosu na homozigote (inbred linije) na stresne uslove spoljašnje sredine.

Značajne razlike među genotipovima u pogledu svih morfoloških osobina rezultat su činjenice da analizirani genotipovi imaju različito genetičko poreklo i pripadaju različitim FAO grupama zrenja te stoga i njihovo različito reagovanje na promenljive vremenske uslove u godinama istraživanja.

Do sličnih rezultata došli su Dube i sar. (2023) proučavajući genetički diverzitet i strukturu populacije 128 inbred linija kukuruza analizom 15 agro-morfoloških osobina.

Izražen uticaj godine na performanse genotipova objašnjava činjenica da je ogled trajao tri agro-meteorološki različite godine. Druga godina istraživanja 2017. je bila izuzetno sušna što je dovelo do smanjenja prosečnih vrednosti većine analiziranih osobina.

Negativan uticaj suše na rast i razvoj biljaka, prinos i komponente prinosa u svom radu izneli su brojni autori (Dong i sar., 2023; Hee i Lee, 2023; Khan i sar. 2001).

Gustina setve (C) je imala visoko značajan uticaj ($p \leq 0.001$) na pet osobina (VB – visinu biljke do vrha metlice, VB2 – visinu biljke do najviše bočne grane metlice, VK – visinu klipa, SL – širinu lista i MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice). Statistički značajan uticaj ($p \leq 0,05$) imala je na DGM – dužinu grana metlice, dok na osobine: VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice, DL – dužinu lista, BRL – broj listova od klipa do vrha biljke, MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice i BGM – broj primarnih grana metlice, gustina setve nije uticala.

Rok setve (D) je visoko značajno uticao na većinu morfoloških osobina ($p \leq 0.001$). Značajno variranje je utvrđeno za DGM ($p \leq 0.01$), DL ($p \leq 0,05$), dok na osobine VB1 i MIN rok setve nije imao statistički značajan uticaj. Takođe, veći broj interakcija proučavanih faktora je značajno uticao na većinu analiziranih morfoloških osobina, a na najveći broj osobina visoko značajan uticaj ($p \leq 0.001$) imale su interakcije: genotip x gustina (A x C), genotip x godina x gustina (A x B x C), genotip x godina x rok (A x B x D), gustina x rok (C x D) i godina x rok (B x D).

Rok i gustina setve su među najbitnijim agrotehničkim merama kojima se može uticati na visinu prinosa, morfološke osobine, efikasnost fotosinteze, evapotranspiraciju, efikasnost korišćenja vode, kompetitivnost i druge osobine kukuruza (Shrestha i sar., 2018). Rok i gustina setve su mnogo puta analizirani u cilju procene njihovog uticaja na vegetativne i reproduktivne osobine biljaka kukuruza. Munarini i Nodari (2021) u svom istraživanju su utvrdili značajan uticaj interakcije (genotip x rok) na VB. Značajan uticaj roka setve i genotipa na: broj dana do metličenja i svilanja, VB, VK, prečnik stabla, suve mase biljke, sadržaj šećera, BRZ, BRL i P utvrdili su u svom istraživanju Rah Khosravani sar. (2017). Na VB značajno utiče rok setve (Kaya i sar., 2012). Značajan uticaj roka i gustine setve na VB, lisnu površinu i prinos zrna u svom istraživanju izneli su (Djaman i sar., 2022). Analizirajući uticaj gustine setve na VB, VK, P i neke od komponenata prinosa Mandić i sar. (2016) ističu da povećanje gustine setve dovodi do povećanja VB, VK, BRL i P i do smanjenja DK, BZR i mase (100 zrna, zrna po klip i koćanke).

Vrednosti koeficijenata varijacije zbirno kod svih inbred linija kretale su se u intervalu od 2,44% za osobinu DL do 11,3% za osobinu BGM. Relativno niske vrednosti CV ispitivanih genotipova ukazuju na njihovu homogenost i slabiji uticaj ekoloških faktora.

Koeficijent varijacije ispod 15% za bilo koje agro-morfološko svojstvo izmereno u poljskom ogledu smatra se veoma prihvatljivim (Kozak i sar., 2013). Iako postoje prirodne granične vrednosti određenih osobina u biološkim sistemima, u poljoprivrednim naukama postojanje granice dozvoljenih varijacija nije posebno ispitano niti jasno definisano (Hadživuković, 1991).

Agro-morfološka karakterizacija je prvi korak u deskripciji genotipova i jedan od parametara za procenu fenotipske i genetičke divergentnosti (Al-Naggar i sar., 2020). S obzirom da poznavanje performansi inbred linija kukuruza u specifičnim uslovima okruženja pruža korisne informacije za njihovo dalje umnožavanje u semenskoj proizvodnji, izvršena je evaluacija genotipova na osnovu 11

agro-morfoloških osobina. Trogodišnje prosečne vrednosti osobina $\pm SD$ (standardna devijacija) i *LSD* test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$) prikazani su u Tabelama 6a i 6b.

Tabela 6a. Analiza genetičke varijabilnosti morfoloških osobina evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza u trogodišnjem poljskom ogledu, sa dve gustine i dva roka setve, u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Inbred linija	VB (cm)	VB1 (cm)	VB2 (cm)	VK (cm)	DL (cm)	SL (cm)	BRL
G1	176,1 ± 17,0 d	137,1 ± 16,1 g	144,5 ± 16,5 f	60,9 ± 10,7 h	74,2 ± 3,9 ef	8,0 ± 0,7 f	5,7 ± 0,3 h
G2	176,8 ± 25,4 d	152,5 ± 25,2 d	157,6 ± 25,2 d	58,8 ± 11,7 hi	75,3 ± 4,5 d	7,8 ± 0,5 g	7,2 ± 0,3 b
G3	153,8 ± 19,1 f	123,9 ± 18,8 j	134,0 ± 19,6 h	52,7 ± 6,5 j	66,2 ± 3,1 i	9,0 ± 0,6 c	6,3 ± 0,4 g
G4	168,2 ± 24,1 e	133,5 ± 22,3 h	146,0 ± 23,5 f	57,2 ± 10,9 i	74,8 ± 4,9 de	8,1 ± 0,5 f	5,6 ± 0,4 i
G5	170,1 ± 20,5 e	147,4 ± 19,2 e	156,2 ± 19,6 d	53,8 ± 6,5 j	67,1 ± 3,1 i	8,0 ± 0,6f	7,9 ± 0,4 a
G6	179,1 ± 15,8 d	144,9 ± 15,1 ef	154,6 ± 15,1 d	54,5 ± 10,3 j	72,7 ± 4,1 g	7,4 ± 0,9 h	6,7 ± 0,3 de
G7	177,5 ± 23,1 d	143,5 ± 21,9 f	155,6 ± 22,8 d	72,2 ± 12,9 d	74,2 ± 4,5 ef	8,5 ± 0,7 e	4,7 ± 0,3 j
G8	156,8 ± 13,5 f	130,2 ± 12,1 i	137,2 ± 13,1 g	44,8 ± 6,2 k	70,6 ± 2,8 h	8,0 ± 0,7 f	6,8 ± 0,5 cd
G9	179,0 ± 30,7 d	145,1 ± 28,3 ef	155,9 ± 29,4 d	69,3 ± 14,0 ef	73,2 ± 4,8 fg	9,2 ± 0,7 b	6,4 ± 0,3 g
G10	198,7 ± 29,4 b	165,7 ± 27,0 b	172,6 ± 27,3 b	66,7 ± 14,0 g	78,0 ± 4,0 b	8,7 ± 0,8 d	7,2 ± 0,2 b
G11	212,9 ± 21,7 a	179,8 ± 21,5 a	188,2 ± 21,7 a	86,3 ± 11,6 a	75,2 ± 3,7 de	9,6 ± 0,5 a	6,9 ± 0,2 c
G12	187,5 ± 25,1 c	155,0 ± 23,2 cd	161,3 ± 23,9 c	69,8 ± 12,7 de	76,7 ± 4,4 c	8,9 ± 0,5 cd	6,5 ± 0,2 f
G13	155,5 ± 11,8 f	125,4 ± 10,9 j	135,8 ± 11,6 gh	67,1 ± 5,4 fg	72,9 ± 4,6 g	7,5 ± 0,5 h	5,6 ± 0,3 i
G14	169,9 ± 28,3 e	142,4 ± 26,3 f	150,4 ± 26,8 e	75,8 ± 9,3 c	69,9 ± 6,2 h	9,2 ± 0,6 b	6,6 ± 0,2 ef
G15	190,6 ± 16,0 c	156,1 ± 16,0 c	163,7 ± 14,1 c	79,2 ± 6,9 b	80,0 ± 2,7 a	8,7 ± 0,5 d	5,5 ± 0,4 i
LSD _A	3,314	3,107	3,088	2,465	1,019	0,193	0,129
LSD _{AxB}	5,740	5,381	5,348	4,269	1,765	0,335	0,223
LSD _{AxC}	4,687	4,394	4,367	3,485	1,441	0,273	0,182
LSD _{AxD}	4,687	4,394	4,367	3,485	1,441	0,273	0,182

Legenda: Rezultati su predstavljeni kao prosečne vrednosti ± SD (standardna devijacija). Prosečne vrednosti evaluiranih parametara označene istim slovom unutar iste kolone se statistički ne razlikuju ($p \leq 0,05$). VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; BRL – broj listova; LSD test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$).

Tabela 6b. Analiza genetičke varijabilnosti morfoloških osobina evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza u trogodišnjem poljskom ogledu, sa dve gustine i dva roka setve, u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Inbred linija	MAX (cm)	MIN (cm)	DGM (cm)	BGM
G1	38,9 ± 2,1 a	31,6 ± 2,3 a	17,1 ± 2,0 bc	4,2 ± 0,7 j
G2	24,5 ± 1,5 i	19,3 ± 1,4 h	11,8 ± 2,5 g	4,6 ± 0,7 j
G3	30,1 ± 2,3 f	20,1 ± 1,9 g	12,8 ± 1,4 f	9,2 ± 1,5 d
G4	34,8 ± 2,7 b	22,1 ± 1,5 f	10,5 ± 1,4 i	11,9 ± 1,9 c
G5	22,7 ± 1,9 j	13,8 ± 1,7 i	6,8 ± 1,1 j	11,8 ± 1,5 c
G6	34,1 ± 1,5 c	24,5 ± 1,2 d	17,3 ± 1,8 b	6,8 ± 1,1 h
G7	33,9 ± 1,7 cd	21,8 ± 1,3 f	10,6 ± 1,7 i	11,7 ± 1,6 c
G8	26,6 ± 2,0 h	19,6 ± 1,5 h	12,0 ± 1,4 g	8,3 ± 0,9 f
G9	34,0 ± 2,9 c	23,2 ± 2,2 e	14,3 ± 1,9 e	13,7 ± 3,4 b
G10	33,0 ± 3,2 e	26,1 ± 2,8 c	18,6 ± 2,6 a	5,4 ± 1,1 i
G11	33,2 ± 2,2 de	24,7 ± 2,4 d	14,4 ± 2,1 e	8,8 ± 1,5 e
G12	32,5 ± 2,7 e	26,2 ± 2,2 c	15,0 ± 1,9 d	4,4 ± 0,4 j
G13	30,1 ± 1,9 f	19,7 ± 1,4 gh	10,5 ± 1,3 i	15,3 ± 3,4 a
G14	27,5 ± 3,2 g	19,5 ± 2,4 gh	11,2 ± 2,4 h	7,5 ± 0,9 g
G15	34,5 ± 3,7 bc	26,9 ± 3,1 b	16,6 ± 1,7 c	9,5 ± 1,9 d
LSD _A	0,705	0,679	0,569	0,572
LSD _{AxB}	1,221	1,175	0,986	0,990
LSD _{AxC}	0,997	0,960	0,805	0,808
LSD _{AxD}	0,997	0,960	0,805	0,808

Legenda: Rezultati su predstavljeni kao prosečne vrednosti ± SD (standardna devijacija). Prosečne vrednosti evaluiranih parametara označene istim slovom unutar iste kolone se statistički ne razlikuju ($p \leq 0,05$). MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – dužina primarne bočne grane metlice; BGM – broj primarnih grana metlice; LSD test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$).

Visina biljke i visina klipa kukuruza su veoma važne agronomske osobine usko povezane sa biomasom, otpornošću na poleganje i prinosom zrna (Zhou i sar., 2016).

Na osnovu trogodišnjih prosečnih vrednosti utvrđene su značajne razlike među genotipovima za ove osobine. Visina biljke analiziranih genotipova kretala se u intervalu od 153,8 cm (kod linije G3), praćene linijama G13 i G8 do 212,9 cm (kod linije G11), praćene linijama G10 i G15. Visina klipa kretala se u intervalu od 44,8 cm (linija G8) do 86,3 cm (linija G11).

Rezultati istraživanja Engida i sar., (2024) takođe su ukazali na značajne razlike između 10 inbred linija kukuruza na osnovu prosečnih vrednosti za visinu biljke koje su se kretale u intervalu od 153,1 do 226,2 cm i za visinu klipa od 71,7 do 105,5 cm. U svom istraživanju Gyenes-Hegyi i sar., (2005) ustanovili su interval od 139,0 do 189,0 cm za visinu biljke i interval od 46,0 do 64,0 cm za visinu klipa inbred linija kukuruza.

Kukuruz ispoljava veliku raznovrsnost u arhitekturi biljke. Raspored listova u prostoru i vremenu utiče na apsorpciju i način korišćenja sunčeve svetlosti od strane biljaka utičući na proces fotosinteze (Fan i sar., 2021). Arhitektura lista podrazumeva veličinu i orijentaciju listova, konkretno: broj, oblik, površinu, i ugao lista (Perez i sar., 2019).

Prosečna širina klipnog lista analiziranih genotipova kretala se u intervalu od 7,4 (kod linije G6) do 9,6 cm (kod linije G11), a dužina od 66,2 cm (linija G3) do 80,0 cm (linija G15). Broj listova od primarnog klipa do vrha biljke analiziranih genotipova kretao se u intervalu od 4,7 (kod linije G7) do 7,9 (linija G5).

Wendwessen T. (2023) analizom 18 morfoloških osobina kod 40 inbred linija kukuruza ustanovio je interval od 8,6 do 9,8 cm za širinu lista i interval od 80,0 do 88,2 cm za dužinu lista. Analizom 18 agro-morfoloških osobina kod 187 inbred linija kukuruza Faria i sar., (2022) utvrdili su interval od 7,3 cm do 12,7 cm za širinu lista i interval od 60,2 cm do 96,6 cm za dužinu lista. Interval od 6,0 do 10,0 cm za širinu lista i interval od 83,0 do 108,0 cm ustanovili su Fayed i sar. (2019). Variranje u broju listova iznad primarnog klipa je generalno ograničeno kod genotipova kukuruza standardnog kvaliteta zrna i kreće se u intervalu od 4,0 do 7,0 (Cui i sar., 2017). U istraživanjima Kravić i sar. (2015) broj listova iznad klipa kod inbred linija kukuruza se kretao od 4,1 do 6,5.

Metlica je muški reproduktivni organ kukuruza koji ima važnu ulogu u rastu biljaka i formiranju prinosa. Kompleksnu morfologiju potpuno razvijene metlice obično karakteriše niz poligenih podosobina: dužine osa od najniže i najviše bočne grane metlice do vrha metlice, ugao, dužina, broj grana metlice i težina metlice (Xu i sar., 2017). Dužina i broj grana metlice su usko povezane sa drugim faktorima koji utiču na prinos zrna (Brewbaker, 2015).

Analizom morfologije metlice inbred linija utvrđena je najmanja prosečna dužina osa metlice (MAX i MIN) za genotip G5 (22,7 cm i 13,8 cm), a najveća za liniju G1 (38,9 cm i 31,6 cm). Dužina bočnih grana metlice kretala se u intervalu od 6,8 cm (kod linije G5) do 18,6 cm (linija G10), a broj primarnih grana metlice u intervalu od 4,2 (linija G1) do 15,3 (linija G13).

Fayed i sar. (2019) analizom pet roditeljskih komponenata i 10 dvolinijskih hibrida kukuruza ustanovili su da se dužina glavne ose metlice od najniže bočne grane do vrha metlice kretala u intervalu od 32,0 do 55,0 cm, dužina glavne ose metlice od najviše bočne grane do vrha metlice kretala se u intervalu od 13,0 do 29,0 cm, dok se dužina grana metlice kretala od 17,0 do 26,0 cm. Po rezultatima istraživanja Cao i sar. (2024), prosečna dužina ose metlice od najniže bočne grane do vrha metlice 182 inbred linije kukuruza testiranih na tri lokacije kretala se u intervalu od 30,08 do 34,77 cm. Fenotipskom analizom metlica kukuruza, Zhang i sar. (2023) ustanovili su da se kod većine metlica prosečan broj grana kretao u intervalu od 6,0 do 16,0, a prosečna dužina grana metlice oko 20,0 cm.

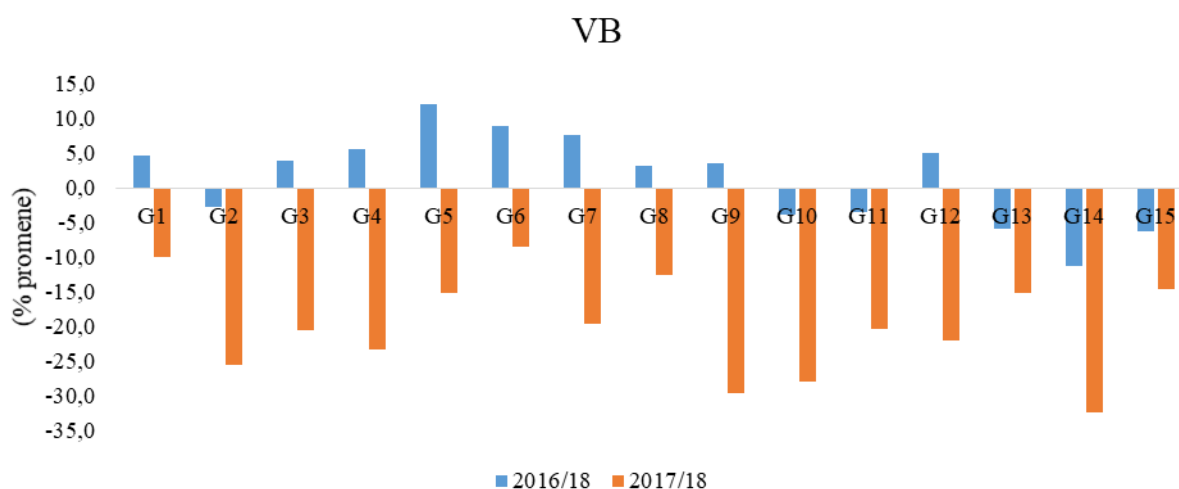
6.1.2. Trend promena morfoloških osobina

Prema temperaturnoj sumi, količini i rasporedu padavina, vegetacioni period treće godine istraživanja (2018) je bio povoljan za gajenje kukuruza što je rezultiralo najvišim ostvarenim prinosom kod većine analiziranih genotipova. U cilju praćenja trenda promena prosečnih vrednosti morfoloških osobina analiziranih genotipova poređene su prethodne dve godine sa trećom godinom

istraživanja, a rezultati su prikazani procentom promene (Grafik 2 – Grafik 10). Osobine VB1 i VB2 nisu analizirane s obzirom da je njihova vrednost uslovljena dužinama osa metlice (MAX i MIN).

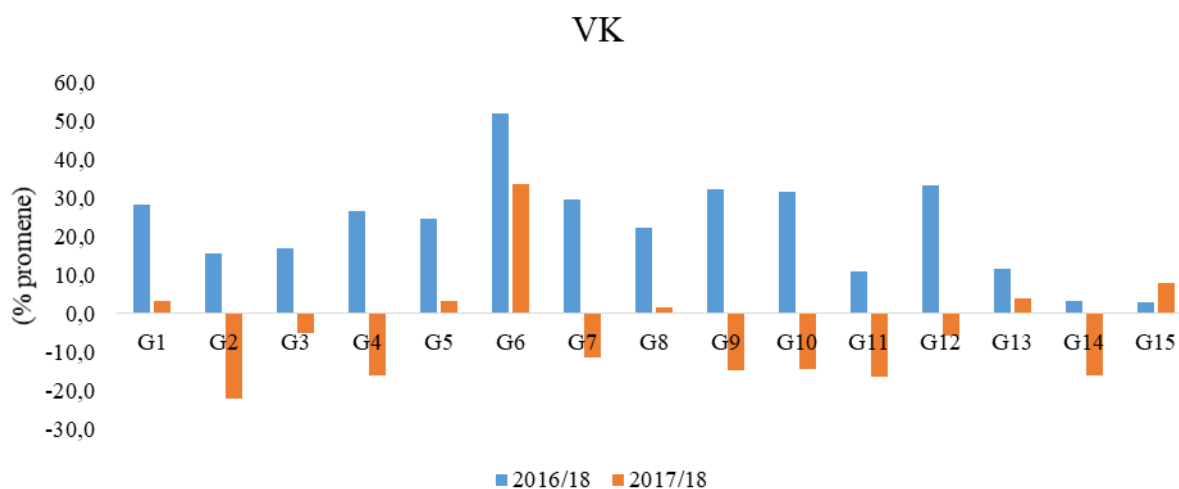
Glavne osobine arhitekture biljke, visina biljke i visina primarnog klipa su tipično poligene osobine. Ekspresija ovih osobina ne zavisi samo od genetičke osnove već i od uticaja faktora spoljašnje sredine (lokacija, godina, tehnologija proizvodnje). Ove osobine su usko povezane sa fotosintetskom aktivnošću, otpornošću na poleganje i gustinom setve (Yang i sar., 2024).

U prvoj godini promena za VB kretala se u intervalu od $-11,4\%$ (kod linije G14) do $+12,1\%$ (kod linije G5) dok je dve trećine genotipova imalo promene od $\pm 3,0$ do $\pm 6,0\%$. Prosečno veću VB imale su sve linije grupe zrenja (FAO 300–500) izuzev linije G2, a prosečno manju sve linije grupe zrenja (FAO 600–700) izuzev linija G9 i G12. Druge godine svi genotipovi su imali prosečno manju VB u intervalu od $8,4\%$ (linija G6) do $32,4\%$ (linija G14), dok je većina imala od $20,0$ do $30,0\%$ manju VB (Grafik 2).



Grafik 2. Promena prosečne vrednosti visine biljke do vrha metlice inbred linija (G1–G15)

Svi genotipovi imali su prosečno veću VK u intervalu od $3,0\%$ (kod linija G14 i G15) do $52,0\%$ (kod linije G6) dok je većina linija imala od $22,0$ do $33,0\%$ više pozicioniran klip. Druge godine promena za VK kretala se u intervalu od $-21,9\%$ (kod linije G2) do $+33,8\%$ (linija G6) dok je većina genotipova imala prosečno manju VK u intervalu od $-5,0$ do $-22,0\%$ (Grafik 3).



Grafik 3. Promena prosečne vrednosti visine klipa inbred linija (G1–G15)

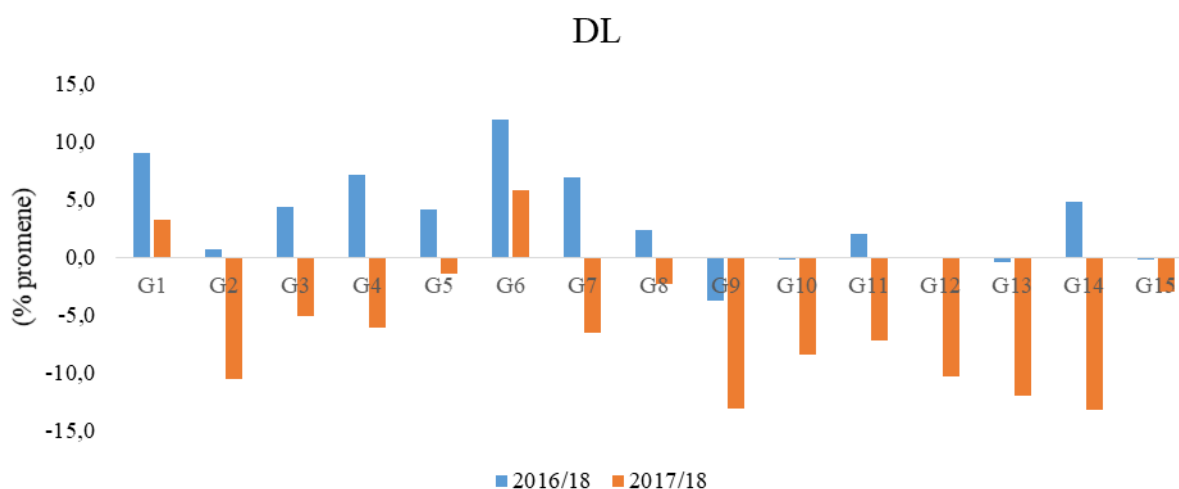
Brojni klimatski i ekološki faktori utiču na rast i razvoj kukuruza, uključujući padavine, svetlost i temperaturu (Walne i Reddy, 2022). Parametri visine biljke kukuruza variraju u različitim sredinama kao rezultat prilagođavanja biljke datom okruženju. Neki genotipovi kukuruza su osjetljiviji na temperaturne promene, a manje osjetljivi na fotoperiod. (Song i Jin, 2020).

Prve godine koja je po temperaturi, količini i rasporedu padavina bila približna trećoj godini istraživanja, većina genotipova je imala manje promene za VB i veće promene za VK. Rezultati ukazuju i na povoljniji uticaj na VB genotipova (G1–G8) ranije grupe zrenja FAO 300–500. Druge (sušne) godine sve linije su imale prosečno manju VB, a većina u intervalu od 20,0 do 30,0% i prosečno manju VK u intervalu od 5,0 do 22,0%.

Visina biljke, visina klipa kao i odnos VB/VK dosta se razlikuju u različitim sredinama kao odraz prilagođavanja genotipa životnoj sredini. Više faktora utiče na ove parametre: genotip, gustina setve, đubrenje, obrada zemljišta, vlažnost zemljišta i klimatski faktori u godinama ispitivanja (Liu i sar., 2021). Visina biljke je uslovljena ukupnim brojem i dužinom internodija, dokle je visina primarnog klipa uslovljena brojem i dužinom internodija od osnove biljke do klipa. Kod nekih genotipova kukuruza, značajnu razliku u visini klipa uzrokuju duže internodije, pogotovu dužina šeste, sedme i osme internodije (Zhu i sar., 2013; Chen i sar., 2018). Temperaturni ekstremi (visoke i niske temperature), višak ili manjak vode u zemljištu u bilo kojoj kritičnoj fazi tokom dužeg trajanja, može negativno uticati na procese rasta i formiranje prinosa zrna kukuruza (Waqas i sar., 2021). Značajan uticaj suše na smanjenje visine biljke kukuruza potvrđeno je ranijim istraživanjem sprovedenim od strane (Anjum i sar., 2017; Oehme i sar., 2022). U svom istraživanju (Bharathi i sar., 2021) ispitivali su uticaj navodnjavanja i stresa izazvanog sušom na 13 osobina 62 inbred linije kukuruza na dve lokacije. Tom prilikom su ustanovili da su u uslovima suše inbred linije imale preko 20,0% manju VB i VK.

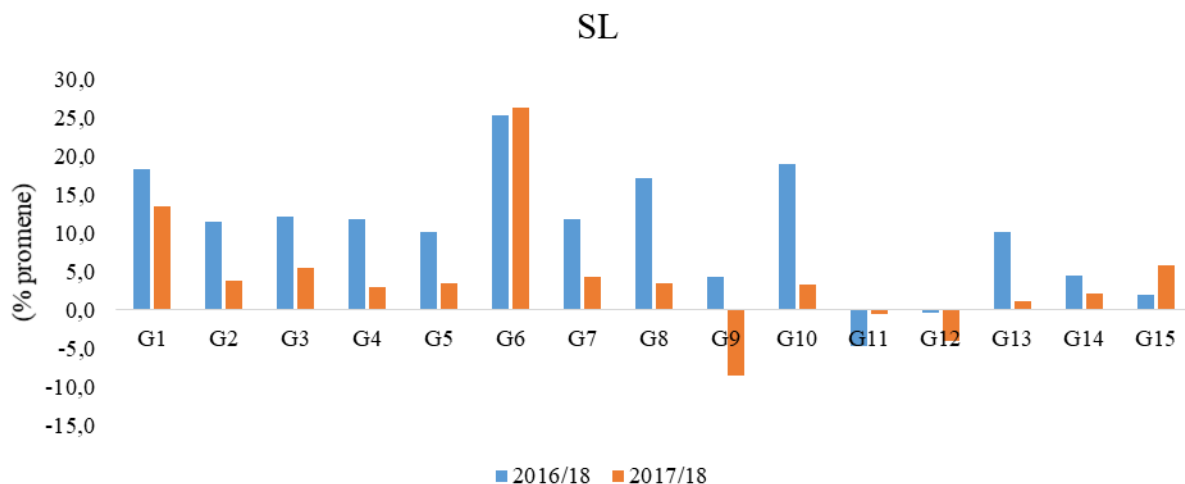
Fotosintetska asimilaciona površina uslovljena je dužinom, širinom, a takođe i brojem listova iznad klipa koji imaju značajnu ulogu u ishrani biljke i samog klipa (Sun i sar., 2019). Dosadašnja istraživanja su pokazala da središnji listovi kukuruza (list u čijem se pazuhu formira klip, list iznad i ispod klipa) najviše doprinose prinosu zrna, pri čemu list primarnog klipa ima najveći uticaj na masu 100 zrna i prinos po biljci (Yang i sar., 2022).

Promena za prosečnu DL prve godine kretala se u intervalu od –3,8% (linija G9) do +12,0% (linija G6). Sve linije grupe zrenja FAO 300–500 imale su prosečno duži list, dok je većina linija kasnije grupe zrenja imala manje promene za DL. Druge godine jedino su linije G1 i G6 imale prosečno duži list za 3,2% i 5,8%. Ostali genotipovi imali su promene u intervalu od –1,4% (linija G5) do –13,2% (linije G14 i G9), pri čemu je većina imala promene od –5,0 do –10,0%.(Grafik 4).



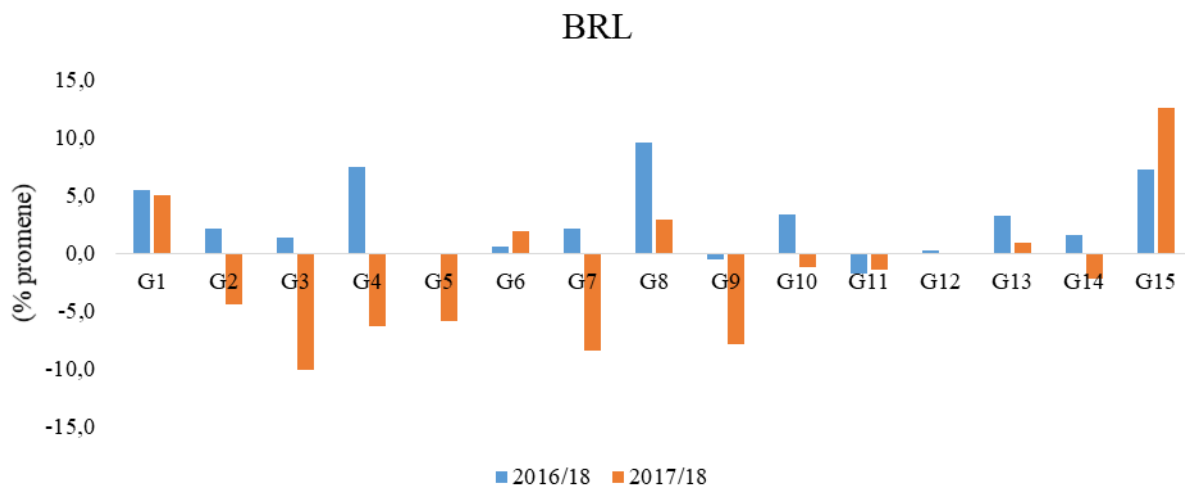
Grafik 4. Promena prosečne vrednosti dužine lista inbred linija (G1–G15)

Promena za SL kretala se u intervalu od $-4,6\%$ (kod linije G11) do $+25,4\%$ (kod linije G6). Većina linija grupe zrenja FAO 300–500 imala je od 10,0 do 17,0% širi list, dok je većina linija kasnije grupe zrenja imala promene od $\pm 4,0\%$ sa izuzetkom linija G10 i G13 ($+19,0\%$ i $+10,0\%$). Druge godine interval promena kretao se od $-8,6\%$ (kod linije G9) do $+26,4\%$ (kod linije G6), dok je većina linija imala prosečno veću SL od 1,2 do 6,0% (Grafik 5).



Grafik 5. Promena prosečne vrednosti širine lista inbred linija (G1–G15)

Promena utvrđena za BRL kretala se u intervalu od $-1,8\%$ (linija G11) do $+9,5\%$ (linija G8), praćena linijama G1, G4 i G15. Većina genotipova imala je manje promene u intervalu od 1,0 do 3,0%. Druge godine utvrđene su veće promene u intervalu od $-10,2\%$ (linija G3) do $+12,6\%$ (linija G15). Većina genotipova imala je prosečno manji BRL, a linije grupe zrenja FAO 300–500 imale su veće promene u odnosu na linije kasnije grupe zrenja (Grafik 6)



Grafik 6. Promena prosečne vrednosti broja listova od klipa do vrha biljke inbred linija (G1–G15)

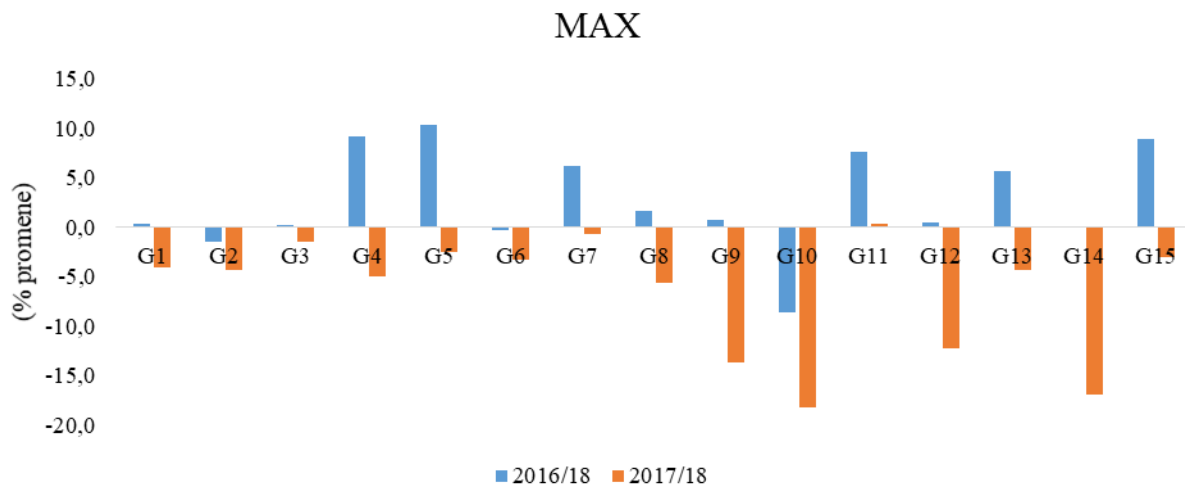
List je jedan od najznačajnijih organa biljaka koji značajno utiče na rast biljaka i visinu prinosa (Gong i sar., 2021). Od faktora spoljašnje sredine zavisi brzina obrazovanja i dužina trajanja listova, dve važne osobine koje na kraju određuju konačan broj listova. Na variranje broja listova različitih genotipova utiču faktori spoljašnje sredine kao što su fotoperiod i temperatura vazduha (Tollenaar i Hunter, 1983; Liu i sar., 2020).

Rezultati ukazuju da su prve godine sve linije ranije grupe zrenja imale prosečno veću dužinu i širinu lista dok se BRL kod većine nije značajnije menjao. Takođe, kod većine linija kasnije grupe zrenja utvrđena su manja variranja za sve tri osobine. Druge godine male količine padavina (39,0 mm) kao i najviša prosečna temperatura (24,4 °C) u junu mesecu, uticale su na značajnije redukovanje DL i BRL i na povećanje SL kod većine inbred linija.

List je jedan od biljnih organa koji su najosetljiviji na sušu. Izražen uticaj suše na smanjenje širine i dužine lista kukuruza svojim istraživanjem utvrdili su Fan i sar. (2020). Pod uticajem suše površina listova i broj listova se smanjuje, a listovi postaju deblji i uvijaju se. Širina lista kao ključna komponenta veličine i morfologije lista, usko je povezana sa strukturnim svojstvima lista (što je list širi, to je manja gustina stoma i provodljivost mezofila) (Pan i sar. 2022). Xu i sar. (2023) analizom uticaja osam rokova setve na ukupan broj listova, broj listova ispod i iznad primarnog klipa genotipova kukuruza, ustanovili su najmanje variranje za broj listova iznad klipa. Istakli su takođe da je na variranje broja listova ispod klipa prvenstveno uticao fotoperiod, dok je na variranje broja listova iznad klipa uglavnom uticali faktori vezani za temperaturu. U svom istraživanju (Liu i sar., 2020) su ispitivali uticaj 23 lokacije tokom četiri godine (2013-2016) na broj listova iznad klipa kod pet srednje ranih hibrida kukuruza. Utvrdili su najmanje variranje u broja listova u intervalu od 4,7 do 6,3 tj. 25,3% (kod genotipa ZD958), a najveće u intervalu od 4.7 do 7.7, odnosno 38,9% (kod genotipa NH101).

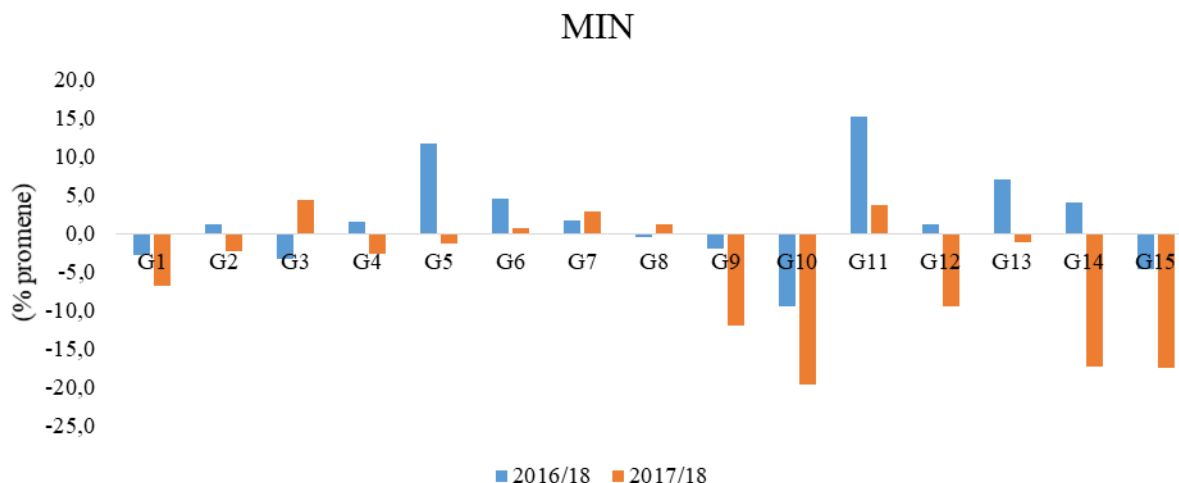
Metlica je muški reproduktivni organ kukuruza. Potpuno razvijena metlica se sastoji od određenog broja bočnih grana (primarnih i sekundarnih) i centralne ose metlice na kojima se nalaze raspoređeni klasovi sa po dva cveta. Veličina i morfološka struktura metlice direktno utiču na proizvodnju polena i efikasnost oprašivanja (Xu i sar., 2023).

Promene za MAX prve godine kretale su se u intervalu od -8,7% (kod linije G10) do +10,4% (kod linije G5). Prosečno dužu MAX od 6,0 do 9,0% imalo je pet linija dok su ostale linije imale minimalne promene. Druge godine izuzev linija G3, G7 i G11 kod kojih nije bilo značajnih promena, sve druge linije imale su od 4,0% (linije G1 i G2) do 18,0% (linija G10 i G14) kraću osu. Uočene su manje promene kod linija grupe zrenja FAO 300–500 u odnosu na većinu linija kasnije grupe zrenja (Grafik 7).



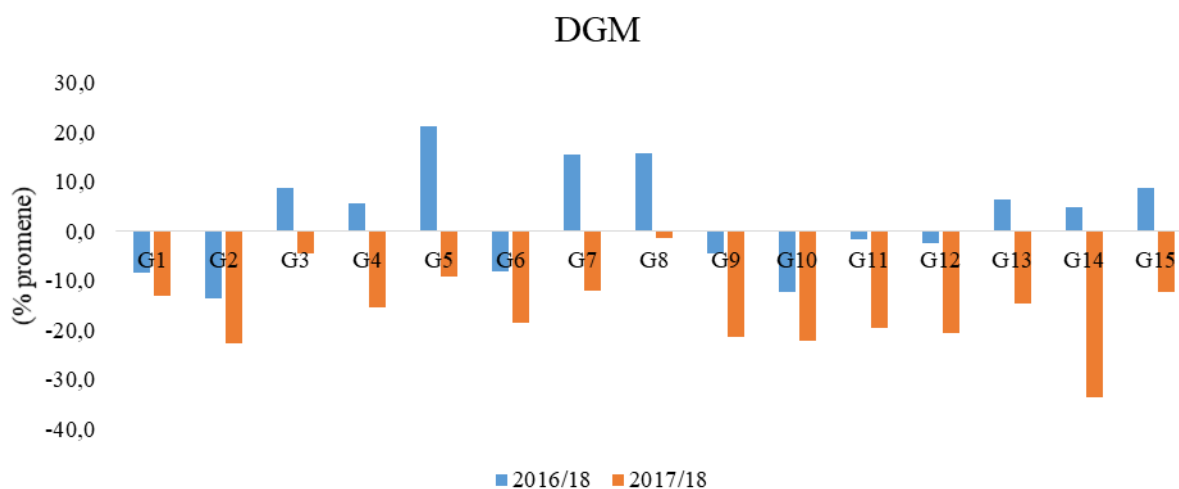
Grafik 7. Promena prosečne vrednosti dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice inbred linija (G1–G15)

Za MIN je uočen jako sličan trend promena kao za MAX i kretao se u intervalu od -9,4% (kod linije G10) do +15,2% (kod linije G11). Većina genotipova je imala minimalne promene, a pogotovu linije grupe zrenja FAO 300–500. Promene u intervalu od -19,6% (linija G10) do +4,3% (linija G3) utvrđene su druge godine. Linije ranije grupe zrenja imale su manje promene dok je većina linija grupe zrenja FAO 600–700 imala promene u intervalu od -9,5 do -17,5% (Grafik 8).



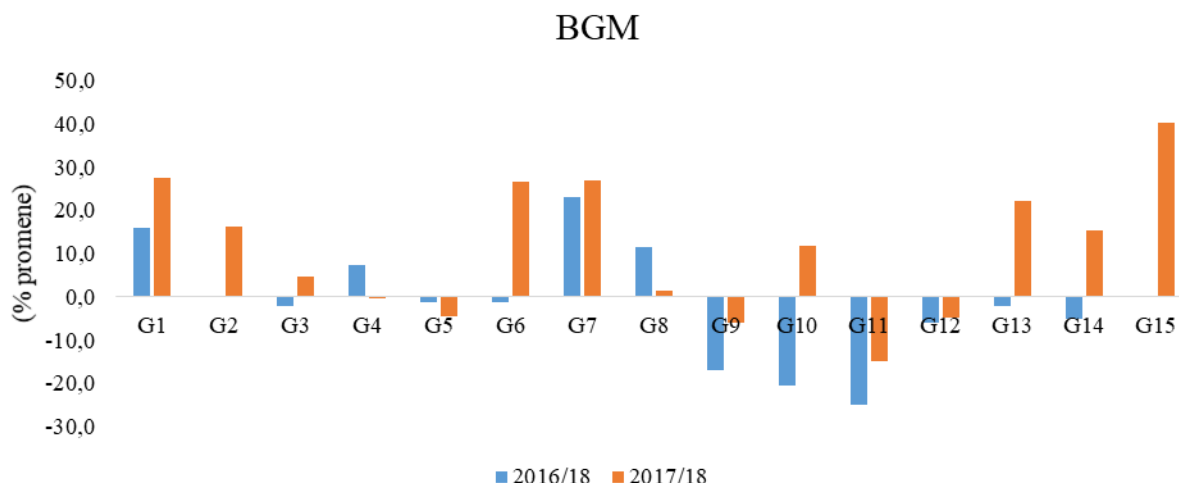
Grafik 8. Promena prosečne vrednosti dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice inbred linija (G1–G15)

Promena za DGM se kretala u intervalu od $-13,5\%$ (linija G2) do $+21,3\%$ (linija G5). Druge godine osim linija G8 i G3 koj su imale minimalne promene, ostali genotipovi su imali manji DGM u intervalu od $9,0\%$ (linija G5) do $33,5\%$ (linija G14). Većina linija FAO 600 grupe zrenja i linija G2 (FAO 300) imale su oko $20,0\%$ manju DGM (Grafik 9).



Grafik 9. Promena prosečne vrednosti dužina grana metlice inbred linija (G1–G15)

U prvoj godini promena za BGM se kretala u intervalu od $-25,0\%$ (linija G11) do $+23,0\%$ (linija G7). Većina linija imala je promene do $\pm 7,0\%$. Druge godine interval promene kratao se od $-4,5\%$ (linija G5) do $+40,2\%$ (linija G15). Većina linija je imala prosečno veći BGM (Grafik 10).



Grafik 10. Promena prosečne vrednosti broja primarnih grana metlice inbred linija (G1–G15)

Veličina i oblik metlice kukuruza utiču na količinu proizvedenog polena od koga zavisi održavanje inbred linija, proizvodnja hibrida i prinos zrna (Gage i sar., 2017). Građa metlice uslovljena je genetičkom osnovom i uticajem faktora spoljašnje sredine (Wang i sar., 2022). Robusne metlice sa većim brojem bočnih grana, troše više asimilata na uštrp biljke i prave veći efekat zasene gornjih listova ometajući prosek fotosinteze što se negativno odražava na prinos. Stoga kraće i manje razgranate metlice imaju veću reproduktivnu efikasnost jer se energija biljke usmerava na proizvodnju zrna (Souza i sar., 2015).

Rezultati istraživanja ukazuju da većina genotipova prve godine nije imala značajne promene za dužinu osa metlice (MAX i MIN). Druge godine osim linije G11 svi drugi genotipovi su imali prosečno manju dužinu MAX dok je većina linija imala i prosečno manju dužinu MIN. Takođe, linije ranije grupe zrenja su imale manje promene u dužinama osa MAX i MIN za razliku od većine linija kasnije grupe zrenja. Dužina bočnih grana metlice prve godine je kod većine linija bila prosečno veća od 5,0 do 21,3%, dok su druge godine sve linije imale prosečno manju DGM. Broj grana metlice prve godine se nije značajno menjao kod šest linija, dok se kod ostalih kretao u intervalu od –25,0% do +23,0%. Druge godine BGM je bio prosečno veći kod većine linija u intervalu od 12,0 do 40,2%. Niže prosečne vrednosti osobina (MAX, MIN i DGM) i više prosečne vrednosti za BGM u drugoj godini istraživanja rezultat su manje povoljnih klimatskih uslova (dužeg intervala visokih temperatura i manjka padavina tokom juna i jula meseca).

Zahtevi kukuruza prema toploti različiti su u pojedinim fazama razvoja biljaka. Optimalne temperature potrebne za prelazak biljaka iz vegetativne u reproduktivnu fazu i za fazu cvetanja su oko 20-22°C. Toplotni stres je tipično abiotički stres koji ima značajan uticaj na fiziološke funkcije i fenotipske karakteristike reproduktivnih organa biljaka i na proces oprašivanja (Gabaldón-Leal i sar., 2016). Biljke izložene toplotnom stresu na prelasku iz vegetativne (V9) u reproduktivnu fazu (VT) imaju usporen rast metlica, narušenu strukturu prašnika, smanjenu vitalnost polena i skraćen period oprašivanja (Shao i sar., 2021). Uticaj visokih temperatura na povećanje broja primarnih grana metlice kod dva genotipa kukuruza za 9,8% i 30,0%, respektivno i redukovanje broja cvetova po grani, obima i dužine grana metlice u svom istraživanju izneli su (Liu i sar., 2023). Broj grana metlice uglavnom zavisi od genotipa, a putem selekcije kod velikog broja genotipova broj grana je smanjen (Yi i sar., 2018). Cao i sar. (2024) su istakli da je metlica kukuruza u toku razvoja veoma osetljiva na uticaj faktora spoljašnje sredine (sušu, visoku temperaturu i fotoperiod).

6.1.3. Analiza varijanse komponenata prinosa i prinosa inbred linija kukuruza

Na prinos i komponente prinosa isto kao i u slučaju morfoloških osobina, visoko značajan uticaj ($p \leq 0.001$) imali su genotip, godina i interakcija genotip x godina. Nivoi značajnosti sredina kvadrata faktora, njihovih interakcija kao i vrednosti koeficijenata varijacije (CV) analiziranih agronomskih osobina, prikazani su u Tabelama 7a i 7b.

Tabela 7a. Analiza varijanse komponenata prinosa i prinosa evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza (Faktor A) u trogodišnjem poljskom ogledu (Faktor B), sa dve gustine (Faktor C) i dva roka setve (Faktor D), u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Izvor variranja	df	DK		PK		PKO		BRZ		BZR	
		MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>	MSq	<i>p</i>
Faktor A	14	55,770	< 0,001	1,241	< 0,001	0,428	< 0,001	60,741	< 0,001	197,813	< 0,001
Faktor B	2	43,970	< 0,001	3,806	< 0,001	0,823	< 0,001	31,782	< 0,001	1450,723	< 0,001
AxB	28	5,443	< 0,001	0,090	< 0,001	0,049	< 0,001	2,839	< 0,001	46,407	< 0,001
Faktor C	1	11,449	< 0,001	0,336	< 0,001	0,187	< 0,001	6,294	< 0,001	77,655	< 0,001
AxC	14	0,803	nz	0,055	< 0,01	0,025	< 0,001	0,354	< 0,001	5,685	nz
BxC	2	2,228	< 0,05	0,027	nz	0,079	< 0,001	0,862	nz	1,647	< 0,001
AxBxC	28	0,789	< 0,05	0,039	< 0,05	0,028	< 0,001	0,682	< 0,05	10,122	< 0,01
Faktor D	1	11,808	< 0,001	0,100	< 0,05	0,312	< 0,001	0,081	< 0,001	0,025	< 0,001
AxD	14	1,204	< 0,01	0,015	< 0,001	0,022	< 0,001	0,243	< 0,001	6,931	nz
BxD	2	1,910	< 0,05	0,020	< 0,001	0,014	nz	1,972	< 0,01	11,705	nz
AxBxD	28	1,045	< 0,01	0,029	nz	0,019	< 0,001	0,684	< 0,05	7,033	nz
CxD	1	0,025	< 0,01	0,040	nz	0,054	0,01	0,441	nz	7,000	nz
AxCxD	14	0,905	< 0,001	0,028	nz	0,011	nz	0,432	nz	5,076	nz
BxCxD	2	0,545	< 0,05	0,035	nz	0,020	nz	0,316	< 0,001	7,200	nz
AxBxCxD	28	0,828	nz	0,025	nz	0,008	< 0,001	0,293	< 0,001	3,278	nz
CV (%)		4,95		4,15		4,13		4,56		9,52	

Legenda: df – stepeni slobode; MSq – sredina kvadrata; *p* – nivo značajnosti; DK – dužina klipa; PK – prečnik klipa; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; CV – koeficijent varijacije; nz – nije statistički značajno.

Tabela 7b. Analiza varijanse komponenata prinosa i prinosa evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza (Faktor A) u trogodišnjem poljskom ogledu (Faktor B), sa dve gustine (Faktor C) i dva roka setve (Faktor D), u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Izvor variranja	df	SZ		DZ		DEZ		M		P	
		MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p	MSq	p
Faktor A	14	0,076	< 0,001	0,087	< 0,001	0,065	< 0,001	201,664	< 0,001	3273,127	< 0,001
Faktor B	2	0,298	< 0,001	0,359	< 0,001	0,069	< 0,001	222,673	< 0,001	17833,007	< 0,001
AxB	28	0,015	< 0,001	0,008	< 0,001	0,017	< 0,001	35,948	< 0,001	624,410	< 0,001
Faktor C	1	0,005	nz	0,005	nz	0,003	nz	6,267	nz	6810,360	< 0,001
AxC	14	0,002	< 0,001	0,002	nz	0,002	< 0,001	7,438	nz	465,528	< 0,001
BxC	2	0,005	nz	0,002	< 0,001	0,010	< 0,01	13,591	nz	237,985	nz
AxBxC	28	0,005	< 0,001	0,005	< 0,01	0,005	< 0,01	9,032	< 0,05	401,749	< 0,001
Faktor D	1	0,010	< 0,05	0,007	nz	0,001	< 0,001	28,056	< 0,05	10383,432	< 0,001
AxD	14	0,003	nz	0,002	nz	0,003	nz	14,893	< 0,01	79,820	< 0,001
BxD	2	0,019	< 0,001	0,005	nz	0,009	0,05	126,332	< 0,001	3594,574	< 0,001
AxBxD	28	0,003	nz	0,002	nz	0,003	nz	7,428	nz	237,447	< 0,001
CxD	1	0,006	nz	0,003	nz	0,002	nz	35,658	< 0,05	658,803	< 0,01
AxCxD	14	0,001	< 0,001	0,004	< 0,05	0,004	0,05	12,573	< 0,01	126,474	nz
BxCxD	2	0,006	nz	0,008	< 0,05	0,002	< 0,001	8,113	nz	635,515	< 0,01
AxBxCxD	28	0,003	nz	0,002	nz	0,002	< 0,001	6,240	nz	173,428	< 0,01
CV (%)		8,19		6,40		15,77		9,84		16,20	

Legenda: df – stepeni slobode; MSq – sredina kvadrata; p – nivo značajnosti; SZ – širina zrna; DZ – dužina zrna; DEZ – debljina zrna; M – Masa 100 zrna; P – prinos; CV – koeficijent varijacije; nz – nije statistički značajno.

Činjenica da testirane inbred linije pripadaju različitim grupama zrenja FAO 300–700, da su različitog genetičkog porekla i da su gajene u tri meteorološki različite godine u dva roka i dve gustine setve, rezultirala je značajnim razlikama u analiziranom prinosu i komponentama prinosa.

Varga i sar., (2023) analizirajući 18 agro-morfoloških osobina kod sedam inbred linija i 49 hibrida kukuruza utvrdili su značajan uticaj genotipa, godine i njihove interakcije na većinu analiziranih osobina. Postojanje značajne genetičke varijabilnosti za prinos i komponente prinosa inbred linija kukuruza u svojim istraživanjima izneli su Mukri i sar. (2022) i Al-Naggar i sar. (2022).

Gustina setve je visoko značajno uticala ($p \leq 0.001$) na prinos (P) i morfologiju klipa (DK – dužinu klipa, PK – prečnik klipa, PKO – prečnik koćanke, BRZ – broj redova zrna i BZR – broj zrna u redu). Na morfologiju zrna (SZ – širina zrna, DZ – dužina zrna, DEZ – debljina zrna) i masu sto zrna (M), gustina setve nije imala uticaj.

Rok setve je imao visoko značajan uticaj ($p \leq 0.001$) na variranje P i na sve parametre morfologije klipa izuzev PK na čije variranje je slabo uticao. Od parametara morfologije zrna jedino je na DEZ imao visoko značajan uticaj. Statistički značajno ($p \leq 0,05$) rok setve je uticao na osobine SZ i M, dok na DZ nije imao značajan uticaj.

Najveći broj interakcija je visoko značajno uticao na P i PKO, a potom i na BRZ. Na DK većina interakcija imala je ($p \leq 0,05$) i ($p \leq 0,01$) značajan uticaj. Najveći broj interakcija koje nisu statistički značajno uticale na varijabilnost utvrđene su za komponente prinosa: DZ, PK, SZ i BZR.

Rok i gustina setve su vrlo bitni elementi tehnologije gajenja kukuruza i mogu značajno uticati na prinos i komponente prinosa. Pravovremena setva i odabir gustine setve shodno dužini vegetacionog perioda genotipa pozitivno utiču na prinos zrna kukuruza (Ma i sar. 2017; Zhao i sar., 2014). Na osnovu trogodišnjeg istraživanja (2015 - 2017) godine Ghețe i sar., (2022) su utvrdili visoko značajan uticaj godine, genotipa, gustine setve i interakcija (genotip x gustina i genotip x godina) na visinu ostvarenog prinosa (kg/ha) inbred linija kukuruza. Na masu klipa i masu zrna po klipu (%) visoko značajno su uticali godina, genotip i njihova interakcija. Utvrdili su takođe da su na dužinu klipa visoko značajno uticala sva tri faktora i interakcije (godina x linija, gustina setve x linija i godina x gustina x linija), dok su na BRZ i BZR značajno uticali linija, gustina setve, njihova interakcija i interakcija (linija x godina). Značajan uticaj roka, gustine setve, genotipa i interakcije (rok x gustina) na prinos i komponente prinosa inbred linija u svom radu izneli su Rabbani i Safdary (2021).

Najveći CV izračunat je za P (16,20%). Vrednosti CV komponenata prinosa kretale su se u intervalu od 4,13 izračunatog za (PKO) do 15,77 % za osobinu (DEZ). Visoki CV za P i DEZ, ukazuju na značajan uticaj ekoloških faktora i relativno nizak uticaj genetičkih faktora na ove osobine analiziranih genotipova.

Prinos je najvažnija i najkompleksnija osobina useva. Rezultat je interakcije životne sredine sa svim procesima rasta i razvoja koji se dešavaju tokom životnog ciklusa biljke (Quarrie i sar., 2006). Prinos useva je direktno i višestruko određen komponentama prinosa. Osobine vezane za prinos (biomasa, žetveni indeks, arhitektura biljke, adaptacija, otpornost na biotičke i abiotičke faktore, itd.) takođe mogu indirektno uticati na prinos utičući na komponente prinosa ili drugim, nepoznatim mehanizmima (Shi i sar., 2009).

Prosečne vrednosti komponenata prinosa i prinosa $\pm$ SD (standardna devijacija) i LSD test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$) prikazani su u Tabelama 8a i 8b.

Tabela 8a. Analiza genetičke varijabilnosti komponenata prinosa i prinosa evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza u trogodišnjem poljskom ogledu, sa dve gustine i dva roka setve, u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Inbred linija	DK (cm)	PK (cm)	PKO (cm)	BRZ	BZR
G1	16,0 ± 0,7 ab	3,24 ± 0,1 h	1,94 ± 0,1 i	12,50 ± 0,7 h	21,55 ± 3,4 de
G2	13,8 ± 1,1 de	3,59 ± 0,2 de	2,19 ± 0,1 de	13,50 ± 0,4 f	22,25 ± 3,9 d
G3	13,5 ± 1,1 ef	3,48 ± 0,4 fg	2,25 ± 0,2 bc	13,39 ± 1,0 fg	19,87 ± 4,3 fg
G4	13,9 ± 0,9 d	3,61 ± 0,2 de	2,12 ± 0,2 fg	13,13 ± 0,5 g	19,33 ± 2,5 fg
G5	11,9 ± 0,8 h	4,03 ± 0,2 a	2,33 ± 0,2 a	18,67 ± 1,2 a	20,53 ± 2,1 ef
G6	16,4 ± 1,3 ab	3,26 ± 0,1 h	1,91 ± 0,2 i	13,48 ± 0,8 fg	25,52 ± 3,9 b
G7	12,9 ± 0,9 g	3,67 ± 0,2 cd	2,07 ± 0,1 gh	13,89 ± 0,6 e	23,89 ± 3,6 c
G8	15,0 ± 0,7 c	3,74 ± 0,2 c	2,33 ± 0,2 a	14,72 ± 0,6 c	27,47 ± 2,5 a
G9	14,0 ± 1,9 d	3,90 ± 0,3 b	2,25 ± 0,1 b	14,80 ± 1,5 c	19,69 ± 5,5 fg
G10	13,9 ± 1,8 d	3,48 ± 0,3 fg	1,95 ± 0,1 i	14,43 ± 1,3 cd	22,24 ± 6,5 d
G11	16,4 ± 1,1 a	3,95 ± 0,3 ab	2,22 ± 0,2 bcd	13,32 ± 0,4 fg	23,56 ± 2,6 c
G12	16,0 ± 0,8 b	3,66 ± 0,2 cd	2,08 ± 0,1 gh	11,80 ± 0,5 i	28,01 ± 3,8 a
G13	11,7 ± 0,7 h	3,45 ± 0,2 g	2,14 ± 0,1 ef	15,32 ± 0,6 b	18,75 ± 3,5 g
G14	13,2 ± 1,8 fg	3,55 ± 0,3 ef	2,20 ± 0,2 cd	14,21 ± 1,6 de	24,41 ± 7,4 de
G15	13,8 ± 0,9 fg	3,57 ± 0,2 e	2,06 ± 0,1 h	15,27 ± 0,8 b	24,25 ± 3,4 c
LSD _A	0,398	0,085	0,051	0,368	1,223
LSD _{AxB}	0,689	0,146	0,088	0,637	2,118
LSD _{AxC}	0,562	0,120	0,072	0,520	1,729
LSD _{AxD}	0,562	0,120	0,072	0,520	1,729
LSD _{AxBxC}	0,974	0,207	0,125	0,901	2,995
LSD _{AxBxD}	0,974	0,207	0,125	0,901	2,995
LSD _{AxCxD}	0,795	0,169	0,102	0,736	2,446

Legenda: Rezultati su predstavljeni kao prosečne vrednosti ± SD (standardna devijacija). Prosečne vrednosti evaluiranih parametara označene istim slovom unutar iste kolone se statistički ne razlikuju ($p \leq 0,05$). DK – dužina klipa; PK – prečnik klipa; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; LSD test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$).

Tabela 8b. Analiza genetičke varijabilnosti komponenata prinosa i prinosa evaluiranih kod 15 inbred linija kukuruza u trogodišnjem poljskom ogledu, sa dve gustine i dva roka setve, u dva ponavljanja, postavljenom po kompletno randomiziranom blok dizajnu (RCBD)

Inbred linija	SZ (cm)	DZ (cm)	DEZ (cm)	M (g)	P (g biljka ⁻¹)
G1	0,625 ± 0,1 bc	0,683 ± 0,1 g	0,371 ± 0,0 b	27,28 ± 2,4 b	71,36 ± 21,4 a
G2	0,613 ± 0,1 cd	0,796 ± 0,1 c	0,267 ± 0,1 ef	25,37 ± 3,9 cd	63,88 ± 25,5 b
G3	0,596 ± 0,1 ede	0,683 ± 0,1 g	0,296 ± 0,0 d	24,55 ± 3,0 de	54,26 ± 22,4 de
G4	0,633 ± 0,1 bc	0,788 ± 0,1 cd	0,329 ± 0,1 c	29,64 ± 4,7 a	61,61 ± 13,6 bc
G5	0,525 ± 0,0 f	0,879 ± 0,0 a	0,296 ± 0,0 d	24,71 ± 3,2 de	74,21 ± 17,9 a
G6	0,538 ± 0,1 f	0,704 ± 0,1 efg	0,283 ± 0,0 de	23,72 ± 2,6 e	62,43 ± 21,1 bc
G7	0,596 ± 0,1 de	0,767 ± 0,1 d	0,254 ± 0,0 fg	24,96 ± 4,5 cde	71,95 ± 21,5 a
G8	0,579 ± 0,1 e	0,721 ± 0,0 ef	0,238 ± 0,0 g	21,02 ± 3,0 f	71,17 ± 18,7 a
G9	0,688 ± 0,1 a	0,796 ± 0,1 c	0,429 ± 0,1 a	24,79 ± 3,4 cde	44,15 ± 22,1 f
G10	0,579 ± 0,1 e	0,767 ± 0,1 d	0,288 ± 0,1 de	23,69 ± 2,6 e	57,62 ± 20,7 cd
G11	0,704 ± 0,1 a	0,842 ± 0,1 b	0,242 ± 0,0 fg	22,23 ± 2,4 f	50,45 ± 12,9 e
G12	0,646 ± 0,1 b	0,779 ± 0,1 cd	0,254 ± 0,0 fg	26,08 ± 4,0 bc	65,09 ± 18,2 b
G13	0,513 ± 0,1 f	0,696 ± 0,1 fg	0,308 ± 0,1 cd	18,70 ± 2,5 g	36,68 ± 17,4 g
G14	0,592 ± 0,1 de	0,692 ± 0,1 g	0,304 ± 0,1 cd	21,90 ± 4,6 f	42,81 ± 14,9 f
G15	0,538 ± 0,0 f	0,725 ± 0,1 e	0,246 ± 0,0 fg	19,30 ± 2,4 g	51,66 ± 16,1 e
LSD _A	0,026	0,025	0,025	1,337	5,410
LSD _{AxB}	0,044	0,044	0,044	2,316	9,370
LSD _{AxC}	0,036	0,036	0,036	1,891	2,419
LSD _{AxD}	0,036	0,036	0,036	1,891	7,650
LSD _{AxBxC}	0,062	0,624	0,062	3,275	13,25
LSD _{AxBxD}	0,062	0,624	0,062	3,275	13,250
LSD _{AxCxD}	0,051	0,051	0,051	2,674	10,820

Legenda: Rezultati su predstavljeni kao prosečne vrednosti ± SD (standardna devijacija). Prosečne vrednosti evaluiranih parametara označene istim slovom unutar iste kolone se statistički ne razlikuju ($p \leq 0,05$). SZ – širina zrna; DZ – dužina zrna; DEZ – debljina zrna ; M – Masa 100 zrna; P – prinos; LSD test – test najmanje značajne razlike ($p \leq 0,05$).

Na osnovu trogodišnjeg proseka, najmanju DK imale su linije G13 i G5 (11,7 cm i 11,9 cm) respektivno, a najveću (16,4 cm) linije G6 i G11, praćene linijama G1 i G12. Većina linija imala je DK od 13,0 do 15,0 cm.

Najmanji PK imala je linija G1 (3,24 cm), a najmanji PKO linija G6 (1,91 cm). Najveći PK (4,03 cm) i PKO od 2,33 cm imala je linija G5, dok su ostale linije imale PK od 3,3 do 3,9 cm, a PKO oko 2,0 cm.

Najmanji BRZ (11,80) imala je linija G12, a najveći (18,67) linija G5, dok je većina linija imala od 13,00 do 15,00 redova zrna.

Najmanji BZR (18,75), imala je linija G13. Linija G12 koja je imala najmanji BRZ imala je najveći BZR (28,01), dok je većina linija imala od 22,00 do 24,00 zrna u redu.

Širina zrna se kretala od 0,513 cm izmerena kod linije G13 do maksimalnih 0,704 cm izmerenih kod linije G11. Većina linija imala je SZ oko 0,60 cm.

Dužina zrna bila je najveća (0,879 cm) kod linije G5, dok je ostatak linija imao DZ oko 0,70 cm.

Najmanju DEZ (0,238 cm) imala je linija G8, a najveću linija G9 (0,429 cm). Većina linija imala je DEZ oko 0,300 cm.

Najmanja M (18,70 g) izmerena je kod linije G13 praćena linijom G15. Masa 100 zrna bila je najveća (29,64 g) kod linije G4, zatim (27,28 g) kod linije G1 i 26,08 g kod linije G12, dok je većina linija imala M oko 25,00 g.

Najmanji prosečan prinos po biljci (36,68 g) imala je linija G13, a zatim linije G14 i G9. Prinos je bio najveći (74,21 g) kod linije G5, zatim kod linije G1 (71,36 g) praćene linijama G7 i G8. Prinos ostalih genotipova kretao se u intervalu od 51,0 do 65,0 g.

Korsa i sar. (2024) ustanovili su da se prosečna dužina klipa kod 25 inbred linija kukuruza kretala u intervalu od 8,25 do 15,10 cm, prečnik klipa u intervalu od 3,29 do 4,60 cm, broj redova zrna od 10,67 do 13,78, broj zrna u redu od 15,76 do 31,86 i prinos po biljci u intervalu od 47,37 do 111,78 g.

U svom istraživanju (Boćanski i sar., 2004) istakli su da je dužina zrna važna komponenta prinosa i da se kod analiziranih inbred linija kukuruza kretala u intervalu od 0,820 do 1,150 cm. Širina zrna kao kvantitativna osobina na koju u manjoj meri utiču uslovi spoljašnje sredine kretala se u intervalu od 0,690 do 0,900 cm, dok se prinos zrna po biljci kretao u intervalu od 56,2 do 124,0 g.

Analizom pet inbred linija (Abdel-Moneam i sar., 2024) ustanovili su intervale za: dužinu klipa od 14,33 do 17,00 cm, za prečnik klipa od 3,13 do 3,95, prečnik koćanke od 1,67 do 2,42 cm, za broj redova zrna od 14,0 do 17,0, za broj zrna u redu od 20,67 do 36,0 i za prinos po biljci od 43,67 do 97,67 g.

Analizom 11 inbred linija kukuruza Dhongade i sar., (2022) ustanovili su da se prinos po biljci kretao u intervalu od 34,14 do 102,46 g.

Le-xiu i sar. (2016) kod 30 inbred linija kukuruza ustanovili su da se masa 100 zrna kretala u intervalu od 20,59 do 38,15 g, dužina zrna u interval od 0,826 do 1,135 cm, širina zrna od 0,701 do 0,908 cm i debljina zrna od 0,409 do 0,592 cm.

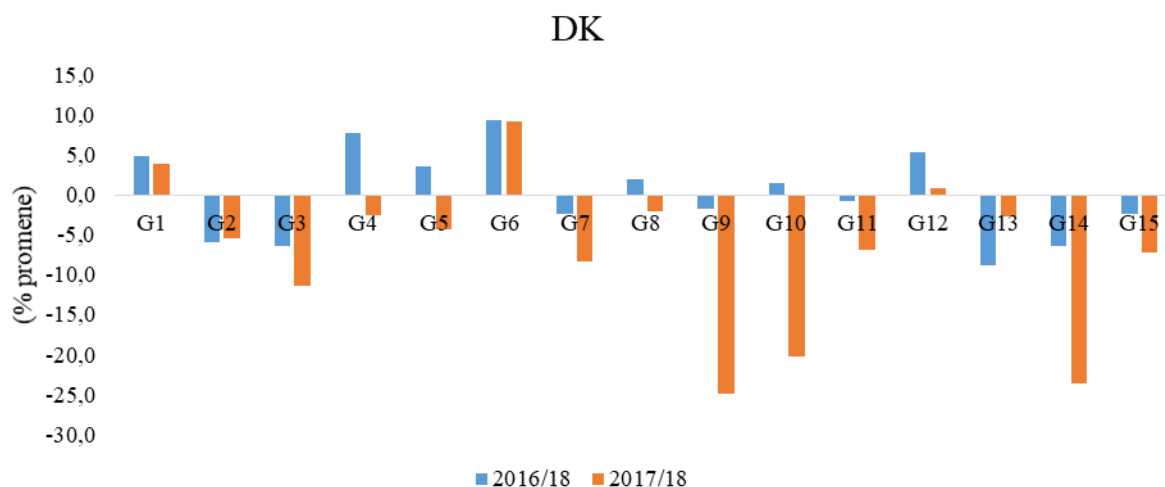
6.1.4. Trend promena komponenata prinosa i prinosa

Prinos zrna, kao kompleksna osobina, uglavnom je odraz interakcije životne sredine i primenjene agrotehnike sa procesima rasta i razvoja biljaka (Studnicki i sar., 2016). Pored toga, komponente prinosa koje utiču na visinu prinosa zrna su sklone promenama usled prilagođavanja različitim agro-ekološkim uslovima (Kumar i sar., 2016).

Koliko su se prosečne vrednosti komponenata prinosa i prinos razlikovali u prve dve godine u odnosu na treću godinu istraživanja utvrđeno je procentom promene (Grafici 11 – 20).

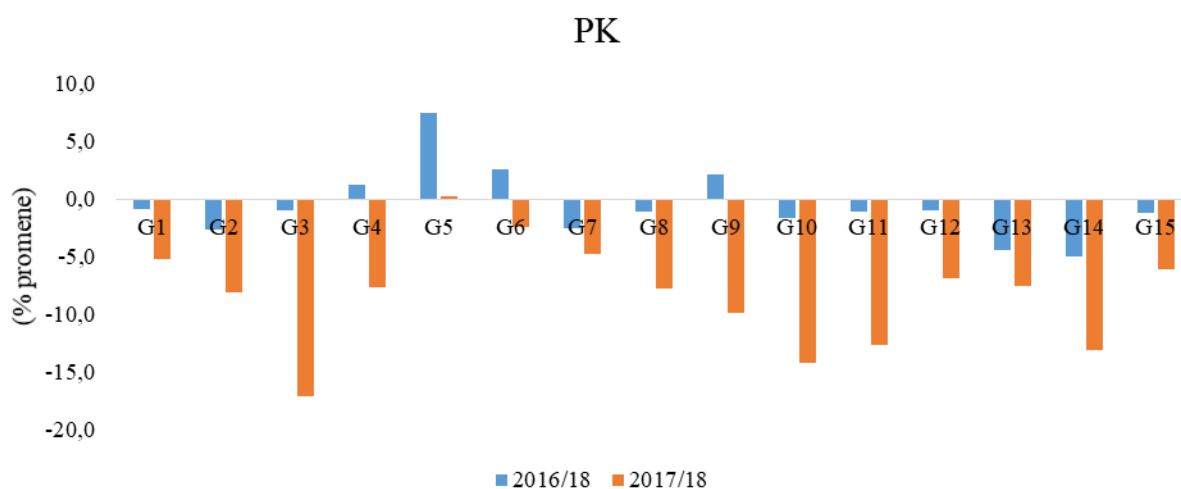
Prve godine istraživanja minimalne razlike za DK do $\pm 2\%$ imale su linije (G7–G11 i G15), a maksimalne (+9,3% i –8,9%) imale su linije G6 i G13, dok je 12 linija imalo interval promene od –6,4 do +5,3%. Druge godine jedino su linije G1 i G6 imale prosečno veću DK za 4,0 i 9,0% respektivno. Bez obzira što je 12 linija imalo prosečno manju DK kod većine je utvrđen interval

promene od $-8,3$ do $+9,0\%$. Najveće promene tj. preko 20% kraći klip imale su linije G9, G10 i G14, a najmanje linija G12 (Grafik 11).



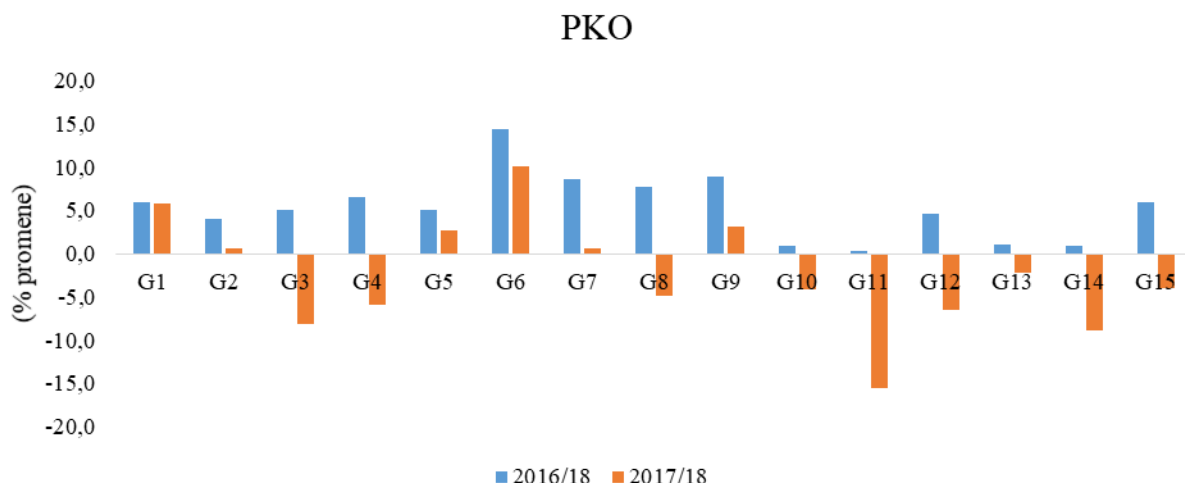
Grafik 11. Promena prosečne vrednosti dužine klipa inbred linija (G1–G15)

Prečnik klipa je prve godine kod devet linija bio prosečno manji od $1,0$ do $3,0\%$, a interval promene od $-2,0$ do $+2,6\%$ imalo je 12 linija. Najveće razlike za PK ($-5,0\%$ i $+7,5\%$) imale su linije G14 i G5. Druge godine, osim genotipa G5 koji je imao skoro isti PK svi drugi genotipovi imali su prosečno manji PK. Većina linija je imala od $5,0$ do $10,0\%$, a genotip G3 za $17,1\%$ manji PK (Grafik 12).



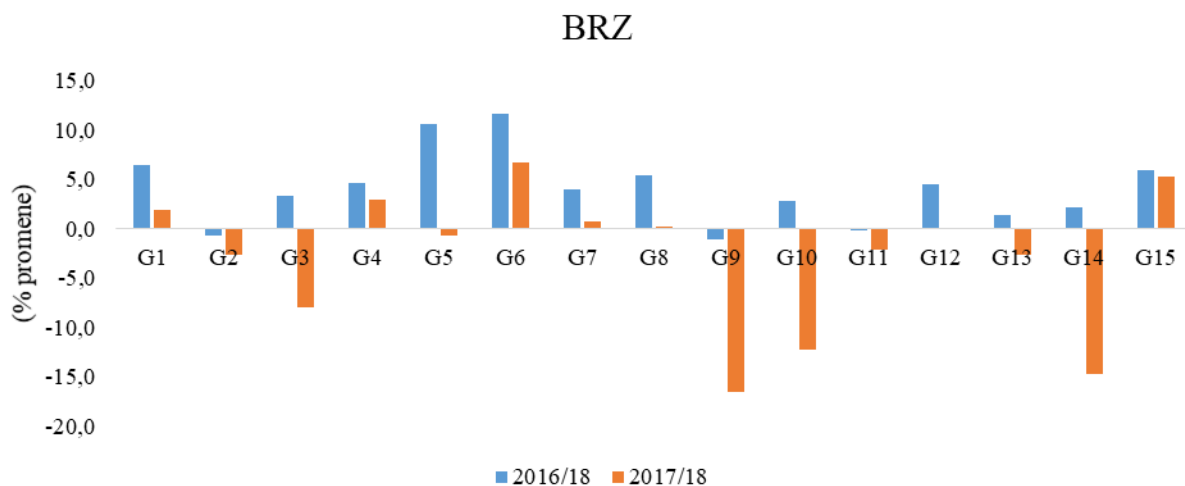
Grafik 12. Promena prosečne vrednosti prečnika klipa inbred linija (G1–G15)

Prve godine svi genotipovi su imali prosečno veći PKO, a većina je imala promene od $+4,0$ do $+9,0\%$. Najmanju razliku do $1,0\%$ imale su linije G10, G11, G13 i G14, a najveću linija G6 ($14,4\%$). Druge godine devet linija je imalo prosečno manji PKO, a interval promene od od $-6,0$ do $+6,0\%$ imalo je 11 linija. Najmanju razliku $0,3\%$ imale su linije G2 i G7, a najveću linije G6 i G11 ($+10,0\%$ i $-15,6\%$) (Grafik 13).



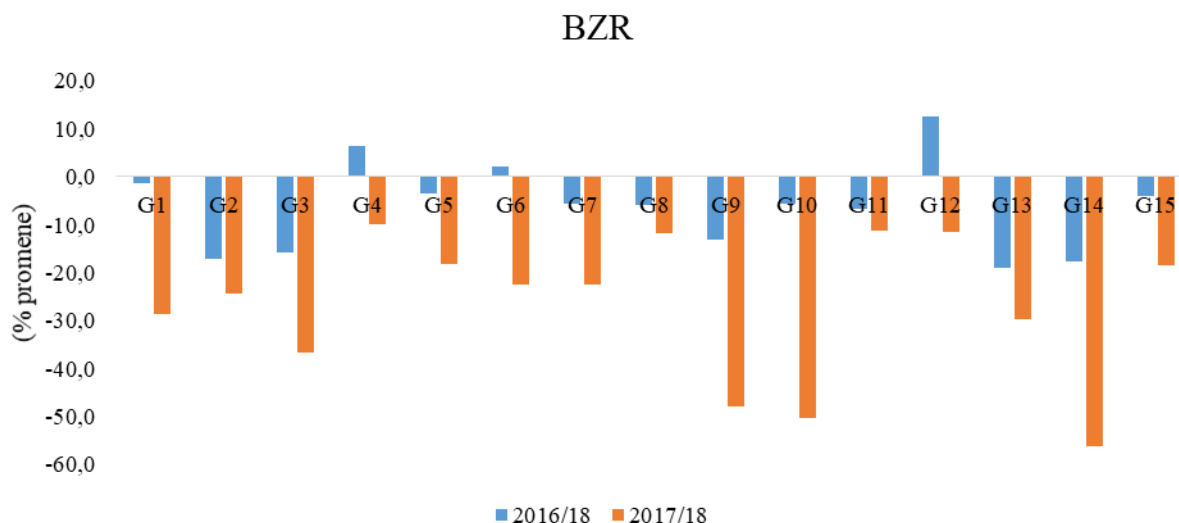
Grafik 13. Promena prosečne vrednosti prečnika koćanke inbred linija (G1–G15)

Broj redova zrna prve godine nije se značajno menjao kod linija G2, G9, G11 i G13. Većina linija je imala promene u intervalu od +3,0 do +6,4%, a najveće promene +10,7% i +11,6% imale su linije G5 i G6. Druge godine većina genotipova je imala minimalne promene od –2,6 do +2,9%, a značajno manji BRZ za 14,7% i 16,5% imale su linije G9 i G14 (Grafik 14).



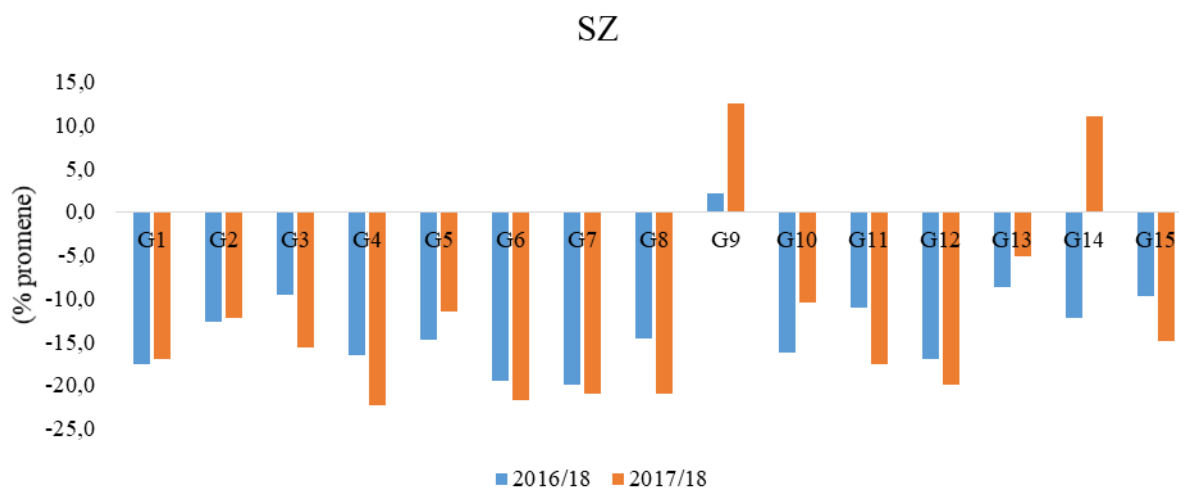
Grafik 14. Promena prosečne vrednosti broja redova zrna inbred linija (G1–G15)

Broj zrna u redu prve godine kod 12 linija je bio prosečno manji od 1,5% (kod linije G1) do 19,1% (kod linije G13) dok je devet genotipova imalo interval promene od –6,7 do +6,3%. Prosečno veći BZR imala su tri genotipa u intervalu od 2,0% (linija G6) do 12,5% (linija G12). Druga godina se prilično nepovoljno odrazila na BZR. Naime, vrednost ovog parametra bila je kod većine linija manja od 10,0% do 24,3%, dok je kod linije G14 BZR bio manji za 56,2% (Grafik 15).



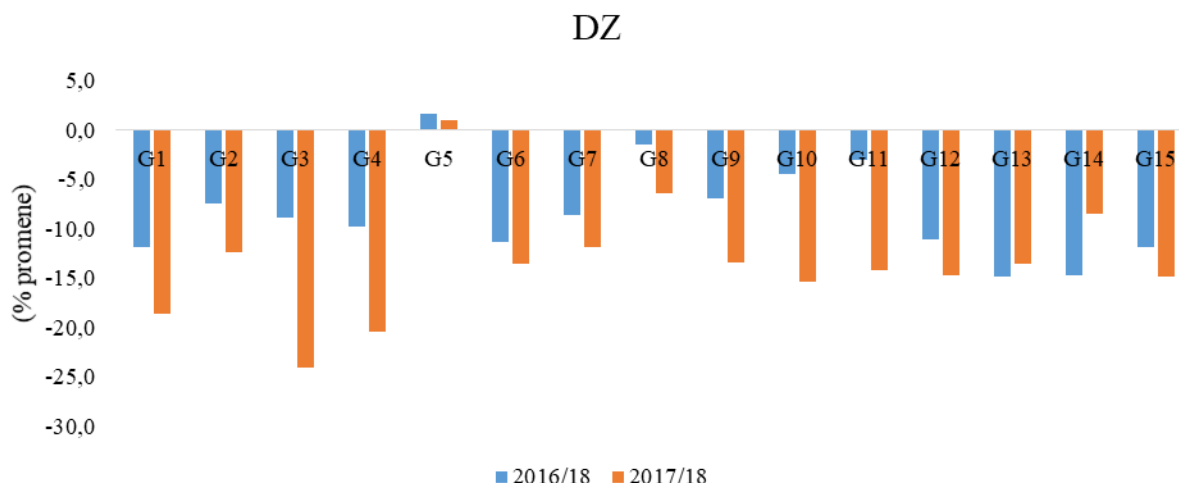
Grafik 15. Promena prosečne vrednosti broja zrna u redu inbred linija (G1–G15)

Prve godine jedino je linija G9 imala prosečno veću SZ za 2,1% dok su ostali genotipovi imali prosečno manju u intervalu od 8,7% (kod linije G13) do 20,0% (kod linija G6 i G7). Druge godine veća SZ za 11,1% i 12,5% bila je samo kod linija G14 i G9. Većina genotipova je u obe godine imala prosečno manju SZ u intervalu od 15,0 do 22,0% (Grafik 16).



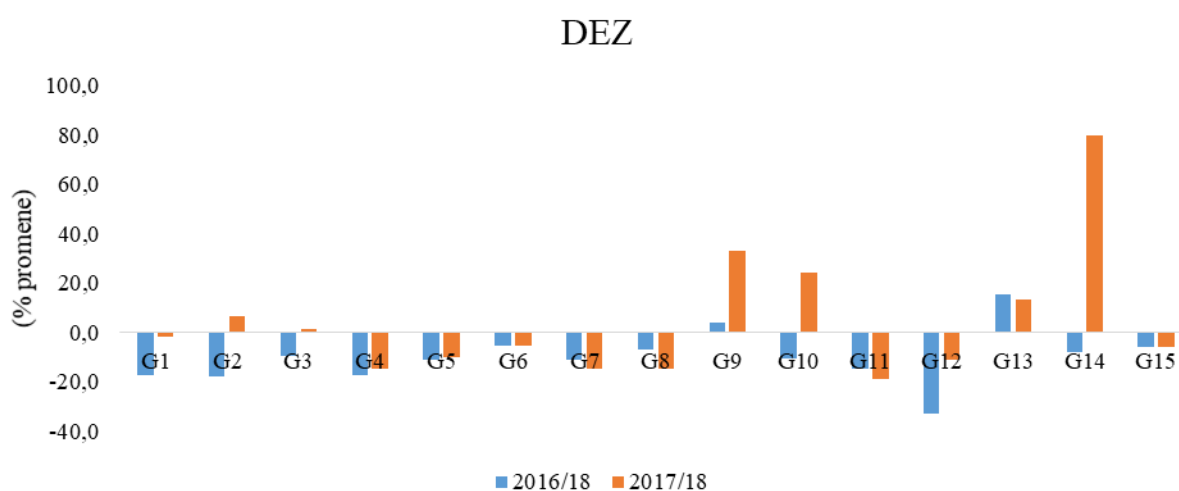
Grafik 16. Promena prosečne vrednosti širine zrna inbred linija (G1–G15)

Dužina zrna linije G5 bila je skoro ista, dok su sve druge linije u prve dve godine imale prosečno manju DZ. Interval promene prve godine kretao se od -1,5% (linija G8) do -15,0% (linije G13 i G14), a kod većine linija od -7,0 do -12,0%. Druge godine najmanju promenu od -6,4% imala je linija G8, a najveću (-24,0%) linija G3 praćena linijama G1 i G4. Većina linija imala je promene u intervalu od -12,0 do -15,0% (Grafik 17).



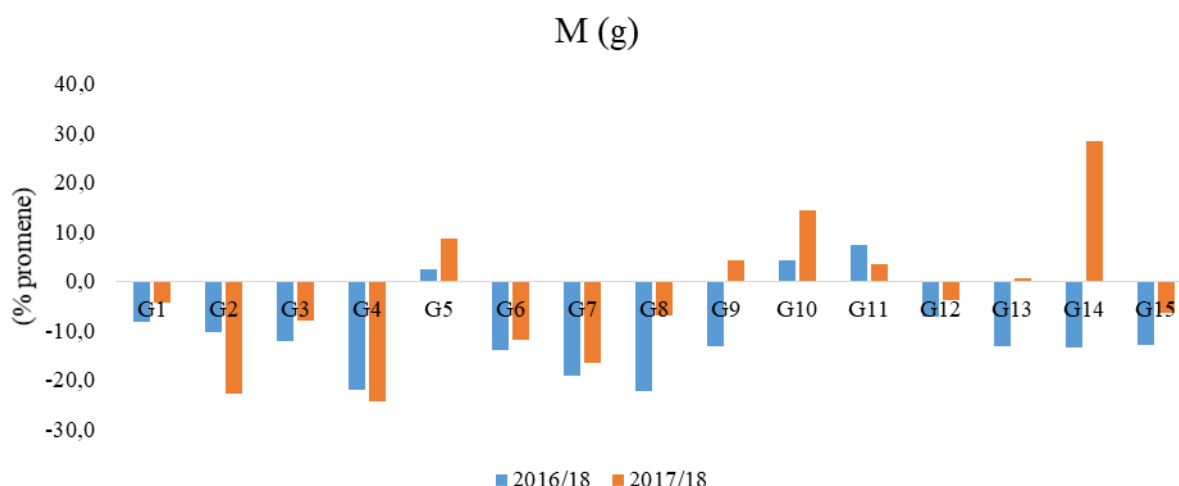
Grafik 17. Promena prosečne vrednosti dužine zrna inbred linija (G1–G15)

Prve godine jedino su genotipovi G9 i G13 imali prosečno veću DEZ za 4,3% i 15,2% dok su ostali genotipovi imali prosečno manju vrednost u intervalu od 5% (linija G6) do 32,9% (linija G12), a osam linija manju u intervalu od 5,6 do 11,0%. Druge godine DEZ linija G1 i G3 je bila gotovo ista, a kod većine linija prosečno manja u intervalu od 5,4% (linija G6) do 15,0% (linije G7 i G8). Četiri linije kasnije grupe zrenja imale su prosečno veću DEZ u intervalu od 13,2% (kod linije G13) do 80,1% (linija G14). Kod većine linija utvrđen je interval promene od -14,7 do +13,2% (Grafik 18).



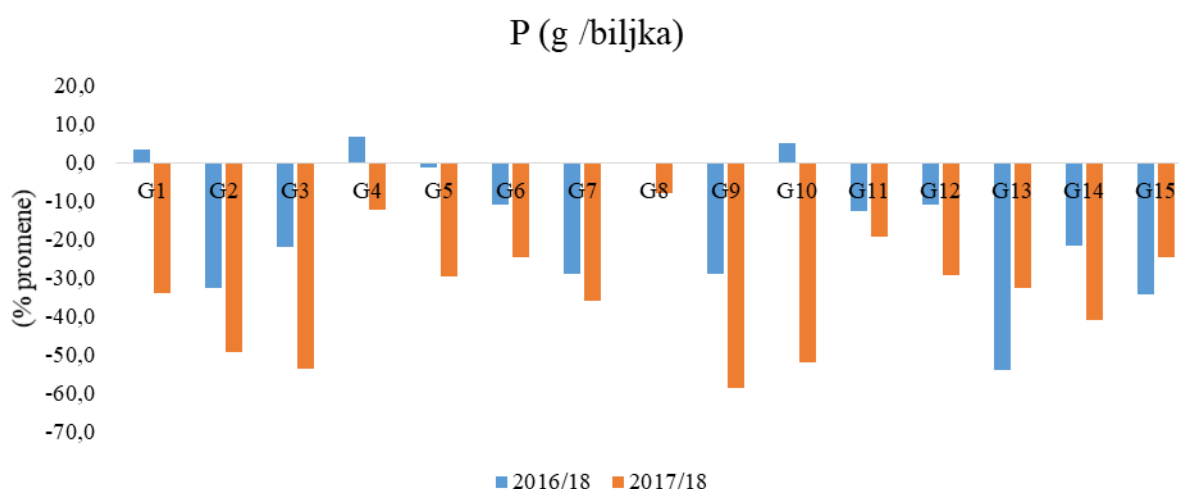
Grafik 18. Promena prosečne vrednosti debljine zrna nbred linija (G1–G15)

Prve godine 12 genotipova je imalo prosečno manju M u intervalu od 7,1% (linija G12) do 22,0% (linije G4 i G8), a većina linija od od 8,0 do 14,0% manju. Prosečno veću M imale su linije G5, G10 i G11. Druge godine linija G13 nije se značajno menjala dok je devet genotipova imalo prosečno manju M u intervalu od 3,9% (kod linije G12) do 24,4% (kod linije G4). Kod većine linija utvrđene je interval promene od -8,0 do +8,7%. Prosečno veću M imalo je pet linija u intervalu od 3,6% (linija G11) do 28,4% (linija G14) (Grafik 19).



Grafik 19. Promena prosečne vrednosti mase sto zrna inbred linija (G1–G15)

Prve godine većina linija je imala interval promene za P od –12,6 do +7,0%. Najmanje promene imale su linije linije G8 i G5, a svega tri genotipa G1, G4 i G10 su imala veći prinos. Kod ostalih genotipova prinos je bio manji u intervalu od 11,1% (linije G6 i G12) do 54,0% (linija G13), od toga kod šest linija od 20,0 do 33,0% manji. Druge godine sve linije su imale niži prinos u intervalu od 8,0% (kod linije G8) do 58,8% (kod linije G9), a većina linija od 20,0 do 36,0% niži prinos. U obe godine genotip G8 je imao najmanje razlike za P dok su linije G13 i G15 ostvarile viši prinos u drugoj (sušnoj) godini u odnosu na prvu (optimalnu) godinu (Grafik 20).



Grafik 20. Promena prosečne vrednosti prinosa zrna po biljci inbred linija (G1–G15)

Za optimalnu produktivnost, biljka kukuruza u svim fazama razvića zahteva odgovarajuću količinu vode i toplote. Ukupne potrebe kukuruza za vodom u toku vegetacionog perioda iznose 500 do 600 mm, pri čemu su najveće potrebe tj. “kritičan period” za vodom u periodu juna, jula i avgusta meseca (faza intenzivnog porasta stabla, metličanja, svilanja, zametanja klipa i nalivanja zrna) (Durodola i sar., 2020; Parent i sar., 2018).

Za optimalan rast kukuruza tokom vegetacionog perioda potrebne su dnevne temperature u intervalu (od 25 do 33 °C) i noćne temperature (od 17 do 23 °C). Biljke kukuruza su osetljive na toplotni stres (>30 °C) tako da svako duže izlaganje biljaka toplotnom stresu utiče na redukovanje prinosa zrna (Schauberger i sar., 2017).

Temperature u rasponu od 33 do 36 °C u periodu pre i posle cvetanja kukuruza, smanjuju stopu razmene CO₂ (~17%), brzinu rasta (17–29%), broj zrna (7–45%) i prinos zrna (10–45%) (Neiff i sar., 2016).

Prinos i komponente prinosa kukuruza zavise od rasta i razvoja biljaka, inteziteta fotosinteze tokom vegetacionog perioda i akumulacije asimilata u zrnu. Prinos je rezultat interakcije genotipa, nivoa primenjene agrotehnike i uticaja faktora spoljašnje sredine (svetlost, voda i temperatura) (Stepić i sar., 2022).

Rezultati istraživanja ukazuju da su prve godine svi genotipovi imali prosečno veće vrednosti za PKO, 12 linija za BRZ, dok je većina linija imala prosečno manje vrednosti za P i sve druge komponente prinosa (DK, PK, BZR, SZ, DZ, DEZ i M). Druge godine prosečno manje vrednosti za P i BZR imale su sve linije, dok je većina linija imala prosečno manje vrednosti za sve druge analizirane komponente prinosa. Takođe, većina genotipova je u obe godine imala manje intervale promena za osobine (DK, PK, PKO, BRZ, DZ, DEZ i M), približne promene za BZR i isti interval promene za SZ od –15,0 do –22,0%. Redukovane vrednosti većine komponenata prinosa odrazile su se i na visinu prinosa / biljci. Naime, većina genotipova prve godine je imala manji prinos u intervalu od 11,0 do 34,2%, a druge godine u intervalu od 30,0 do 58,8% u odnosu na treću godinu istraživanja.

Poređenjem prosečnih vrednosti komponenata prinosa iz dve optimalne godine za gajenje kukuruza, Jahangirlou i sar., (2021) su takođe ustanovili manje razlike za DK, PK, BRZ i BZR.

Sah i sar., (2020) su istakli da vodni deficit u fazi cvetanja i nalivanja zrna dovodi do značajnog umanjenja prinosa. Ustanovili su smanjenje prinosa u intervalu od 34,28 do 66,15% kod genotipova osetljivih na sušu i interval od 38,48 do 55,95% za linije tolerantne na vodni deficit. Značajno redukovanje prinosa u uslovima suše izneli su i (Daryanto i sar., 2016; Fahad i sar., 2017; Gopalakrishna i sar., 2023).

U zavisnosti od genetičkog faktora, biohemijskih i fizioloških sposobnosti biljke, trajanje i stepen nalivenosti zrna su različiti, što rezultira različitom veličinom zrna, odnosno prinosom (Tabaković i sar., 2021). Veličina zrna je glavna komponenta koja određuje težinu zrna, i jedna je od najvažnijih osobina prinosa, koja uključuje dužinu, širinu i debljinu zrna. U poređenju sa samim prinosom zrna, osobine veličine zrna pokazuju veću heritabilnost i bolju stabilnost u različitim okruženjima (Liu i sar., 2020).

U vreme najveće potrošnje vode tokom letnjih meseci, biljkama kukuruza je potrebno 200-300 mm pravilno raspoređenih padavina. U agroekološkim uslovima Srbije tokom vegetacionog perioda potrebe kukuruza za vodom po mesecima za period april-septembar su: 50, 75, 90, 100, 95 i 80 mm (Glamočlija, 2012). Uslovno optimalne temperature za metličenje su 18-20 °C, za cvetanje i oplodnju 20-22 °C, a za sazrevanja plodova 22-23 °C (Đurić i sar., 2015). Manjak ili višak vode i toplote pogotovu u periodu jun-avgust tokom (cvetanja, oprašivanja biljaka i faze intezivnog nalivanja zrna) mogu značajno doprineti umanjenju prinosa.

Na osnovu podataka o prosečnim temperaturama i količini padavina za navedene mesece na lokaciji Zemun Polje (Grafik 1) evidentno je da su prosečne temperature u toku letnjih meseci period (jun-avgust) u sve tri godine bile približne. Međutim uzastopni broj dana sa temperaturom iznad 32°C od treće dekade juna zaključno sa trećom dekadom avgusta bio je najveći druge godine istraživanja. Takođe, suma prosečnih padavina za ovaj period bila je najpovoljnija treće godine (256,0 mm), zatim prve (184,2 mm) i značajno manja druge godine, svega (89,4 mm). Povoljna temperatura, dovoljne količine i raspored padavina u toku vegetacionog perioda treće godine istraživanja kod većine linija rezultovao je najvećim prosečnim prinosom i najvećim prosečnim vrednostima svih komponenata prinosa izuzev PKO i BRZ.

6.1.5. Uticaj roka i gustine setve na visinu prinosa po godini istraživanja

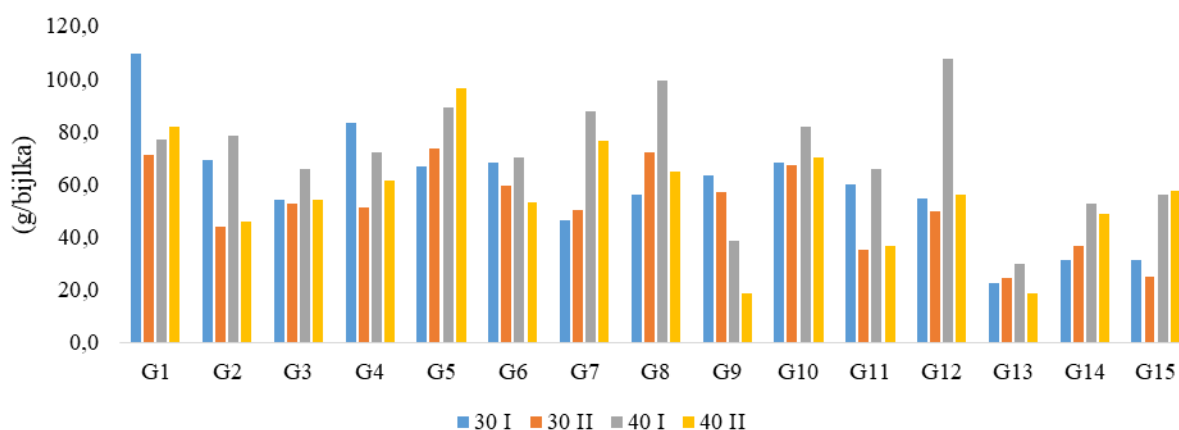
Rok i gustina setve su agrotehničke mere koje mogu uticati na visinu prinosa kukuruza. Rok setve je uslovljen biološkim osobinama i agroekološkim uslovima u određenom regionu, delimično dužinom vegetacionog perioda hibrida i namenom kukuruza (zrno ili silaža). Gustina sklopa zavisi od genotipa, plodnosti zemljišta, a najviše od očekivane količine i rasporeda padavina tokom vegetacionog perioda kukuruza (Latković i sar., 2008).

Da bi se ispitao uticaj roka i gustine setve na visinu prinosa po biljci ogled je sejan u dva roka i dve gustine setve (30 cm i 40 cm). S obzirom da datum setve ne može biti precizno definisan jer zavisi od vremenskih uslova u datoj godini, setva u prvom roku 2016. i 2018. godine istraživanja je obavljena polovinom aprila, dok je 2017. godine setva obavljena 10. aprila. Interval između rokova setve u sve tri godine bio je 10 dana.

Koliko su rok i gustina setve po godini istraživanja uticali na visinu ostvarenog prinosa prikazano je Grafikima 21, 22 i 23.

Prve godine istraživanja, 10 inbred linija je najveći prinos imalo u prvom roku pri manjoj gustini setve. Manja gustina setve ali u drugom roku povoljno se odrazila na prinos linija G5 i G15, dok su linije G1, G4 i G9 najviši prinos imale u prvom roku pri većoj gustini setve (Grafik 21).

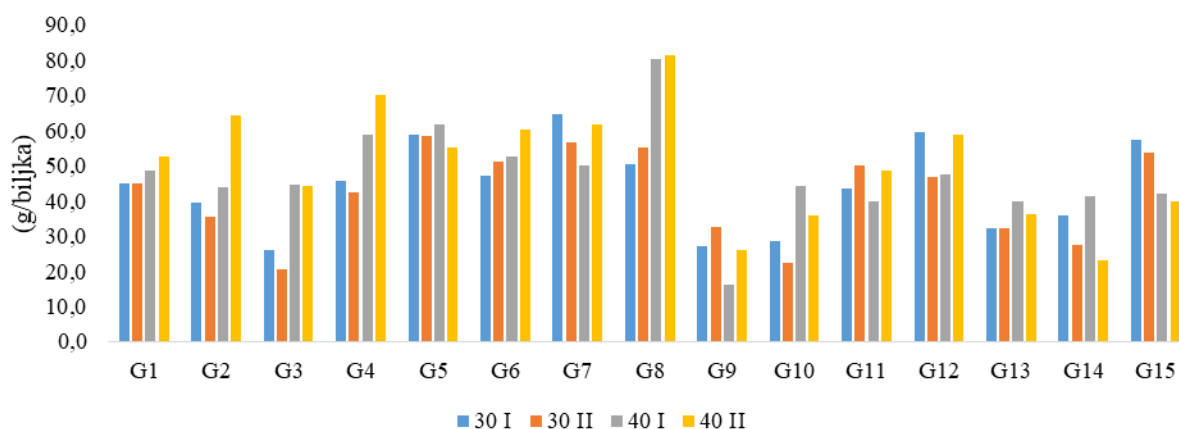
Prinos 2016.



Grafik 21. Prinos po roku (I i II) i gustini setve (30 i 40 cm) inbred linija kukuruza u 2016. godini

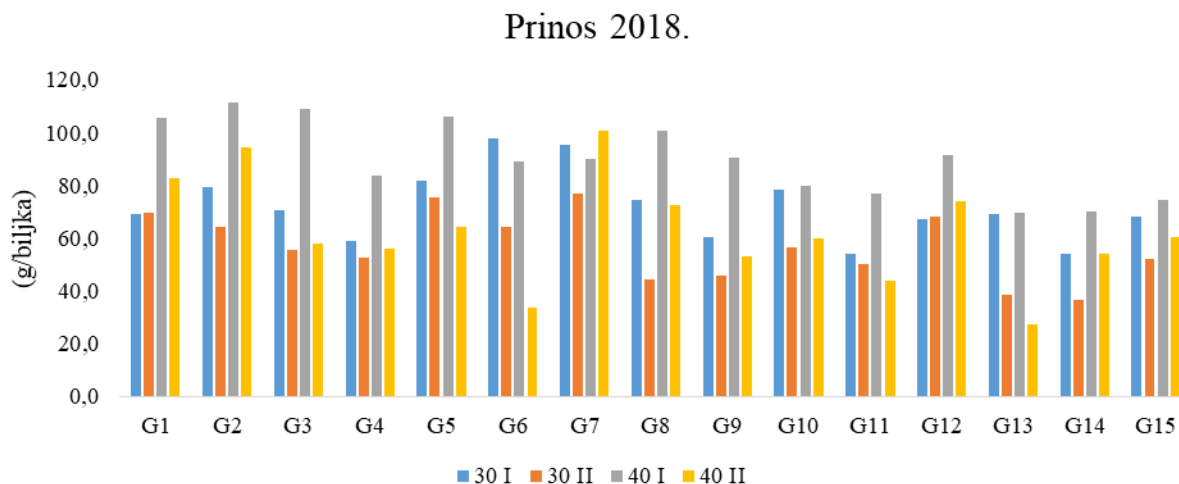
Druga godina istraživanja je bila izrazito sušna i količina padavina u toku vegetacionog perida je bila manja za 97,8 mm u odnosu na prvu i za 114,2 mm u odnosu na treću godinu. Ovako nepovoljni uslovi rezultovali su značajno manjim prinosom analiziranih genotipova. Manja gustina setve je više pogodovala ostvarenom prinosu kod ukupno 10 genotipova pri čemu je većina linija grupe zrenja FAO 300–500 najviši prinos ostvarila u drugom roku setve. Gušći sklop setve u prvom roku najpovoljnije se odrazio na prinos linija G7, G12 i G15, a u drugom roku na prinos linija G9 i G11. (Grafik 22).

Prinos 2017.



Grafik 22. Prinos po roku (I i II) i gustini setve (30 i 40 cm) inbred linija kukuruza u 2017. godini

Treće godine istraživanja koja je bila meteorološki najpovoljnija 13 genotipova je najviši prinos ostvarilo u prvom roku pri manjoj gustini setve. Manja gustina setve je pogodovala i prinosu linije G7 ali u drugom roku, dok je genotip G6 najveći prinos imao u prvom roku pri većoj gustini setve. (Grafik 23).



Grafik 23. Prinos po roku (I i II) i gustini setve (30 i 40 cm) inbred linija kukuruza u 2018. godini

Broj biljaka po jedinici površine utiče na rast i razvoj biljaka, kompeticiju između useva i korova, presretanje svetlosti, efikasnost fotosinteze i poleanje biljaka (Sibonginkosi i sar., 2019). Gustina setve utiče na nivo kompeticije među biljkama kukuruza delujući na njihov vegetativni i reproduktivni razvoj. Suvše veliko rastojanje među biljkama dovodi do intezivnijeg razvoja nadzemnog dela biljke umanjujući kapacitet formiranja reproduktivnih organa i pojačava kompeticiju biljaka kukuruza sa korovima. Sa druge strane suviše malo rastojanje među biljkama usled povećanja uzajamne kompeticije intezivno umanjuje dostupnost resursa po biljci oko perioda svilanja što dovodi do značajnog smanjenja prinosa (Lashkari i sar., 2011; Raza i sar., al., 2019). Primena odgovarajuće gustine setve kukuruza zavisi od niza faktora: dužine vegetacionog perioda, morfoloških karakteristika biljke, količine i raspodele padavina tokom vegetacije, rezerve zimske vlage u zemljištu, plodnosti zemljišta, vremena setve, nivoa primenjene agrotehnike i genotipa (Assefa i sar., 2017). Optimalnom gustinom setve, postiže se veća produktivnost biljaka usled efikasnijeg korišćenja raspoloživih resursa (svetlosti, temperature, vode i hranljivih materija) (Konuskan i sar., 2019).

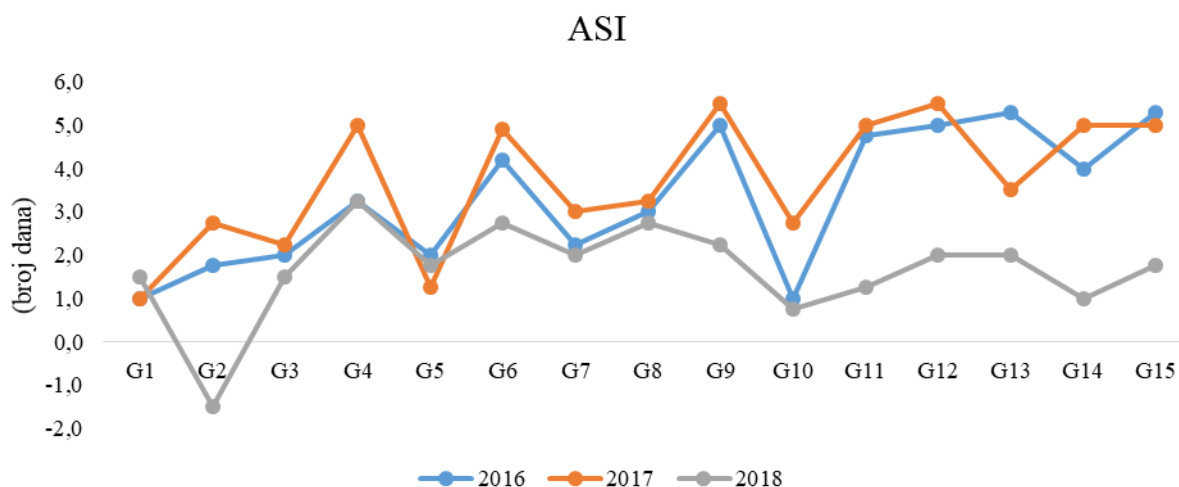
Na osnovu rezultata utvrđeno je da je većina inbred linija najviši prinos ostvarila na manjoj gustini setve u prvom roku (prve i treće) i u drugom roku (druge) godine istraživanja.

Proučavajući uticaj različite gustine setve na prinos inbred linija do istih rezultata došli su (Chayanonti i sar., 2021; Hamid i sar., 2022; Kravić i sar., 2015). Datumi setve koji bi rezultovali optimalnim prinosom zrna na određenoj lokaciji uslovljeni su agro-meteorološkim uslovima i dužinom vegetacionog perioda (Abendroth i sar., 2017). U našem klimatskom području pogotovu u ravničarskim predelima, smatra se da je optimalni rok za setvu kukuruza od 10. do 25. aprila, a po Starčević i sar. (1995) u sušnoj godini optimalni rok je od 5. do 20. aprila.

6.1.6. Uticaj perioda između metličenja i svilanja (ASI - *Anthesis Silking Interval*) na prinos zrna po biljci inbred linija kukuruza

Prinos zrna i period između metličenja i svilanja (ASI) su dve najbitnije osobine u oplemenjivačkom programu. ASI je ključni pokazatelj odgovora biljke na stresne uslove spoljašnje sredine (toplotni stres i suša) u toku perioda cvetanja (Silva i sar., 2022).

ASI interval je beležen u trenutku pojavljivanja polena i svile kod više od 50% biljaka analiziranih genotipova. Vrednosti ASI-ja po godini istraživanja predstavljeni su na Grafiku 24.



Grafik 24 Interval između metličenja i svilanja (ASI) inbred linija (G1–G15)

Najpovoljniji ASI bio je treće godine, a najmanje povoljan druge godine istraživanja. Genotipovi G1, G5 i G8 imali su u sve tri godine približne vrednosti ASI-ja. Linije G4, G7 i G10 imale su gotovo isti ASI u optimalnim godinama (prva i treća). Linije G13 i G15 imale su povoljniji ASI druge u odnosu na prvu godinu. Jedina negativna vrednost ASI-ja utvrđena je kod linije G2 u trećoj godini.

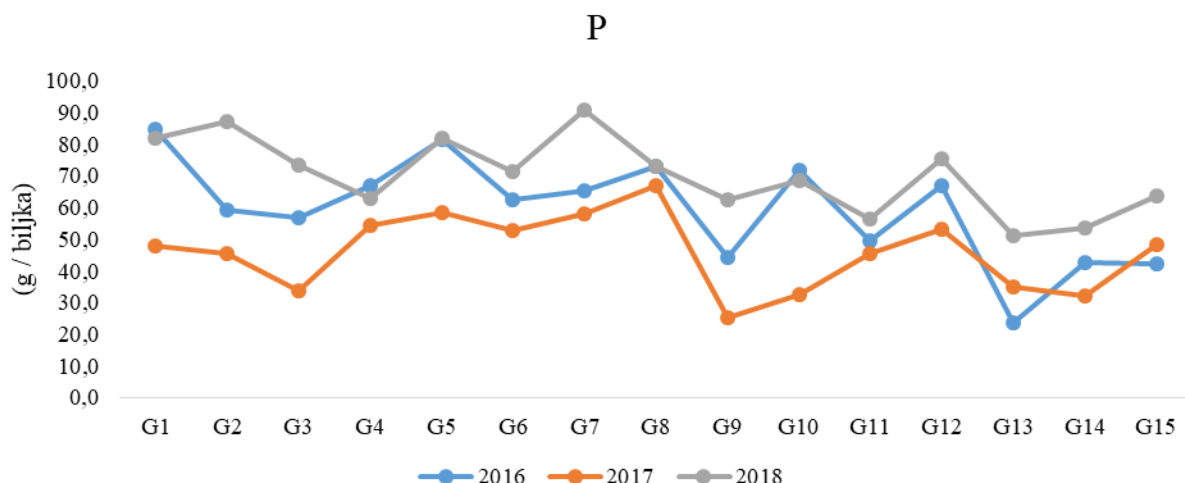
Prašenje polena počinje na sredini glavne ose metlice, postepeno se šireći na bočne grane metlice u trajanju od 2 do 10 dana, u zavisnosti od genotipa i uslova spoljašnje sredine. Sa druge strane, svila kukuruza može da očuva sposobnost plodnosti 10 do 15 dana (Cerović i sar., 2014).

Manje vrednosti ASI-ja znače veće šanse za uspešnu oplodnju i formiranje semena, veći broj razvijenih zrna i veći prinos. Najbolja oplodnja se postiže na svili dugačkoj 8-10 cm i staroj 3-5 dana. Stoga se smatra se da je kritična vrednost za ASI (broj dana > 5) (Čamdžija, 2014).

U prvoj godini broj dana od metličenja do svilanja se kretao u intervalu od 1,8 (kod linije G1), do 5,3 dana (genotipovi G13 i G15). Druge godine linija G1 je takođe imala najmanju vrednost za ASI, (1 dan), a najveći (5,5 dana) imale su linije G9 i G12. Treće godine ASI se kretao od -1,5 (kod linije G2), do 3,3 dana (kod linije G4).

U svom istraživanju Čamdžija (2014) je zabeležio da se ASI kod inbred linija kretao od 0 do 3,8 dana. Period za ASI od 2 do 5 dana u svom istraživanju izneli su Zhuang i sar., (2024).

Da bi se jasnije sagledao uticaj ASI-ja na visinu ostvarenog prinosa na Grafiku 25. , predstavljen je prosečan prinos genotipova u godinama istraživanja.



Grafik 25. Prosečan prinos zrna po godini istraživanja inbred linija (G1–G15)

Najkraći ASI je utvrđen u trećoj godini istraživanja što je rezultiralo najvećim ostvarenim prinosom po biljci kod 12 genotipova. U principu što je kraći interval između matličenja i svilanja to je prinos veći. Istraživanja (Liu i sar., 2022; Wang i sar., 2023) su potvrdila negativnu korelaciju između dužine ASI-ja i ostvarenog prinosa.

Kraći ASI je generalno povezan sa povećanim potencijalom prinosa, jer omogućava efikasnije oprašivanje i oplodnju. Međutim, ovaj odnos se može modifikovati faktorima spoljašnje sredine, posebno uticajem abiotičkog stresa. Bez obzira što su određene linije imale približan ili isti ASI u sve tri godine ili u dve godine istraživanja, ipak je većina najmanji prinos ostvarila u drugoj (sušnoj) godini. Od svih genotipova jedino su linije G13 i G15 imale veći prinos ali i kraći ASI u drugoj nego u prvoj godini. U slučaju genotipa G2, iako je treće godine svilanje nastupilo 1,5 dan pre metličenja, što se u oplemenjivanju smatra negativnom osobinom, ovaj genotip je bio drugi po visini ostvarenog prinosa.

Metlica i klip različito reaguju usled različite osetljivosti na visoke temperature (Wang i sar., 2021). Smatra se da je metlica osetljivija na temperaturni stres obzirom da je više izložena direktnom uticaju sunčevog zračenja za razliku od klipa koji je pozicioniran negde na polovini visine biljke (Alam i sar., 2017). Direktna uticaj visokih temperatura ubrzava metličenje, inhibira otvaranje cvetova i pojavu prašnika i smanjuje broj i vitalnost polenovih zrna (Li i sar., 2022). Nasuprot tome, toplotni stres slabije utiče na ženske cvetove (klipove) kukuruza, ali svakako usporava pojavu, prijemčivost i održivost svile usled usporenog rasta svile (Liu i sar., 2020). Lizaso i sar., (2018) su objasnili da povišena temperatura u kombinaciji sa sušom skraćuje vegetativnu i reproduktivnu fazu, ne dovodi do kašnjenja svilanja u odnosu na metličenje, ali svakako redukuje prinos usled gubitka vitalnosti polena. Vodni deficit (suša), pogotovu ako je prisutna u periodu 10 dana pre i posle svilanja usporava rast klipa u odnosu na rast metlice što dovodi do smanjenja broja zrna po biljci (Liu i sar., 2022). Suša može nastupiti u bilo kojoj fenofazi kukuruza ali kada se poklopi sa periodima cvetanja i nalivanja zrna, dovodi do smanjenja prinosa od 40-90% (Gazal i sar., 2018). Bheemanahalli i sar., (2022) su istakli da je suša u kombinaciji sa visokom temperaturom redukovala prinos kod genotipa Mo17 (49%) i linije B73 (86%). Klijavost polena oba genotipa je smanjena pod kombinovanim stresovima (42%), zatim toplotnim stresom (30%) i stresom od suše (19%). Brzina starenja polena veoma zavisi od temperature i relativne vlažnosti vazduha. Za polen kukuruza je karakteristično da u poljskim uslovima brzo gubi klijavost s obzirom da spada u grupu tzv *tri-cellular* polena čiji se metabolizam ne zaustavlja posle prašnja. Na temperaturi 28-30°C i relativnoj vlažnosti vazduha većoj od 53% polen gubi vitalnost za jedan do dva sata (Babić i sar., 2017).

Prinos je najznačajnija agronomska osobina uslovljena genetičkim potencijalom genotipa (50-60%), plodnošću zemljišta, nivoom primenjene agrotehnike i agro-klimatskim uslovima gajenja kukuruza (Deines i sar., 2021).

Rezultati istraživanja su pokazali da su u sve tri godine istraživanja najveći prinos imale linije grupe zrenja FAO 300–500. Naime, u prvoj godini najprinosnija je bila linija G1, grupe zrenja FAO 300, zatim linija G5 (FAO 400) i linija G8 (FAO 500). Druge godine najviši prinos je ostvarila linija G8, praćena linijom G5 i linijom G7 (FAO 500), dok je treće godine najprinosnija bila linija G7, praćena linijom G2 (FAO 300) i linijom G5. Treba istaći da su inbred linije G1, G2, G5 i G8 selekcionirani materijal odabran na osnovu dobrih opštih i posebnih kombinacionih sposobnosti. Najmanji prinos u prve dve godine imao je genotip G9, a treće godine linija G13. Obe linije pripadaju grupi zrenja FAO 600.

Svedoci smo globalnih klimatskih promena koje u slučaju našeg klimatskog područja sve češće uslovljavaju sušni period od juna do avgusta meseca što se uglavnom negativno odražava na prinos. Po Glamočliji (2004) da bi se uspešnije prevazišao ovakav nedostatak preporučuje se setva hidrida kukuruza ranije grupe zrenja FAO 300–500, pogotovu u područjima sa manjom količinom padavina. Genotipovi kraćeg vegetacionog perioda imaju veće šanse da prevaziđu julske i avgustovske suše s obzirom da ranije cvetaju i nalivaju zrno. U istraživanju Stojiljković i sar. (2023) kod hibrida FAO grupe zrenja 400 i 500 uočena su manja variranja u prinosu u klimatski nepovoljnoj godini, nego kod hibrida FAO grupe 600. Rajčić i sar. (2024) su u trogodišnjem istraživanju (2017., 2018. i 2019.) ispitivali uticaj tri lokacije i tri tipa zemljišta na osam genotipova kukuruza FAO grupa zrenja (400–600). Ustanovili su da su svi hibridi najveći prinos ostvarili u klimatski najpovoljnijoj 2018., a najmanji u sušnoj 2017. godini. Takođe, hibridi grupe zrenja FAO 500 bili su prinosniji u 2017. godini i manje prinosni u optimalnoj godini u odnosu na hibride grupe zrenja FAO 600. Krstić i sar. (2021) su utvrdili manji prinos genotipova grupe zrenja FAO 600 genotipova u odnosu na genotipove (FAO 400) u 2016. godini. Objasnili su da manjak padavina i visoke temperature u drugom delu jula kada su hibridi kasnije FAO grupe zrenja bili u fazi oplodnje doveli do smanjenja prinosa.

6.1.7. Analiza glavnih komponenta (PCA – *Principal Component Analysis*)

PC analiza je multivarijaciona statistička metoda koja redukuje veći broj početnih promenljivih koje su najčešće u korelaciji na manji broj nekorelisanih promenljivih (glavnih komponenta) kako bi se preciznije sagledali njihovi međusobni odnosi, uz zadržavanje maksimalnog varijabiliteta prisutnog u podacima. Na osnovu *Eigen* vrednosti procenjuje se preciznost PC analize (Anshori i sar., 2022). Ovom analizom identifikuju se osobine biljaka koje najviše doprinose uočenoj varijabilnosti unutar grupe genotipova (Hemavathy, 2020; Gupta i Khandewal, 2022).

Analiza glavnih komponenta (PCA) je primenjena u cilju potpunijeg uvida u odgovor biljke na različite uslove spoljašnje sredine i sagledavanja međusobnog odnosa velikog broja ispitivanih osobina. Generalno, da bi se podaci dobijeni PC analizom mogli smatrati relevantnim, potrebno je da obuhvaćena varijabilnost bude veća od 70% ukupne varijabilnosti sistema. Takođe je neophodno da *Eigenvalues* za PC ose budu veće od 1 (vrednosti > 1), što je u ovom eksperimentu i potvrđeno (Tabela 9).

Za faktor Godina, procenat varijabilnosti obuhvaćen PC osama iznosio je 70,98% ukupne varijabilnosti sistema, pri čemu je PC1 osa obuhvatila 28,11%, PC2 21,94%, PC3 11,75% i PC4 9,18% ukupne varijabilnosti (Tabela 9). Analiza glavnih komponenta je utvrdila postojanje visokih korelacija između VB, VB1, VB2, VK, DL i SL, osobina koje definišu prvu PC osu. Osobine MAX, MIN, DGM i PKO definišu drugu PC osu, dok BZR definiše treću, a M četvrtu PC osu (Tabela 10).

Za faktor Genotip, procenat varijabilnosti obuhvaćen PC osama iznosio je 72,78% ukupne varijabilnosti sistema, pri čemu je PC1 osa obuhvatila 32,2%, PC2 19,58%, PC3 11,38% i PC4 9,63% ukupne varijabilnosti (Tabela 9). Analizom glavnih komponenta je utvrđeno da su VB, VB1, VB2, VK, i DL osobine koje definišu prvu PC osu, dok su MAX, MIN, DGM, PKO i BRZ osobine koje definišu drugu PC osu. Osobine BZR i P definišu treću, a SZ i M definišu četvrtu PC osu (Tabela 10).

Tabela 9. Značajnost PC osa i procenat varijabilnosti obuhvaćen PC osama

	Godina		Genotip	
	EiV	V	EiV	V
PC1	5,90*	28,11	6,76*	32,20
PC2	4,61*	21,94	4,11*	19,58
PC3	2,47*	11,75	2,39*	11,38
PC4	1,93*	9,18	2,02*	9,63
Cumulative		70,98		72,78

EiV – *Eigen* vrednost; V – Varijanbilnost

Generalno, parametri koji definišu jednu osu (sa rotiranom matricom komponenata sa vrednostima > 0,70) su u visokoj korelaciji (pozitivnoj ili negativnoj), dok parametri koji definišu različite ose nisu u korelaciji (Tabela xx).

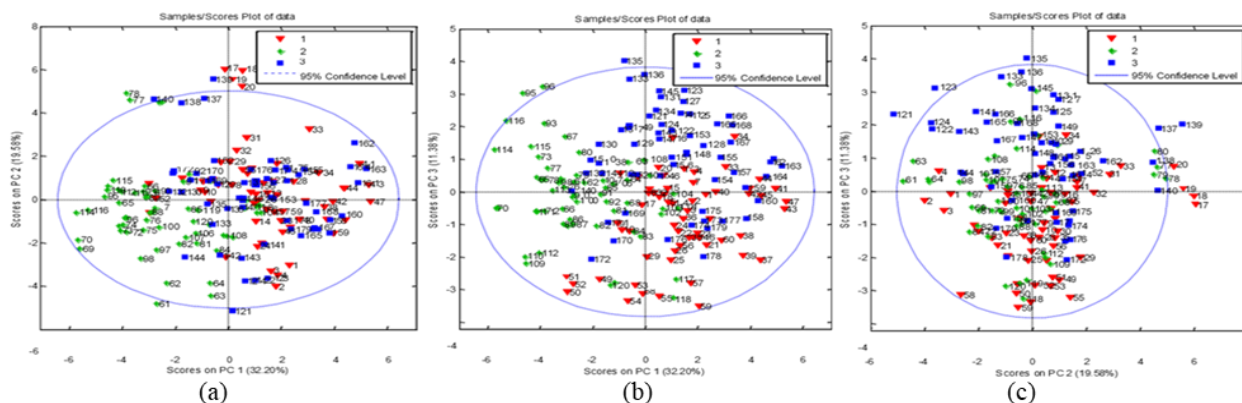
Tabela 10. Tabela *Component matrix(a)*

Osobine	Godina				Genotip			
	PC ose							
	1	2	3	4	1	2	3	4
VB	0,901	0,219	0,251	0,036	0,827	-0,083	0,498	0,052
VB1	0,887	0,038	0,316	-0,010	0,787	0,047	0,545	0,014
VB2	0,904	0,018	0,267	-0,001	0,810	0,062	0,510	0,034
VK	0,848	0,059	-0,031	-0,242	0,872	-0,053	-0,097	-0,156
DL	0,701	0,342	-0,058	-0,066	0,728	-0,314	0,249	-0,064
SL	0,764	-0,202	-0,076	0,138	0,594	0,068	-0,142	-0,003
MAX	0,232	0,779	-0,223	0,196	0,481	-0,711	-0,079	0,212
MIN	0,286	0,852	0,024	0,158	0,383	-0,830	0,116	0,119
DGM	0,244	0,780	0,315	0,116	0,370	-0,717	0,274	-0,032
PKO	0,250	-0,796	0,015	0,041	0,301	-0,701	0,024	0,097
BRZ	0,024	-0,633	0,044	-0,536	0,168	0,713	0,048	-0,375
BZR	0,154	0,088	0,807	0,059	0,373	-0,106	0,747	-0,174
SZ	0,357	0,147	-0,233	0,647	0,217	-0,078	0,065	0,830
M	-0,173	-0,073	-0,485	0,706	-0,244	-0,120	0,176	0,781
P	-0,173	-0,073	0,128	0,572	0,058	0,085	0,729	0,202

Legenda: VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – dužina primarne bočne grane metlice; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; SZ – širina zrna; M – masa sto zrna; P – prinos

PC analiza je utvrdila značajan uticaj faktora Godina na posmatrane osobine, ukazujući na nepovoljne agro-ekološke uslove tokom druge godine ispitivanja koji su rezultirali niskim vrednostima za većinu morfoloških osobina, naročito za visinu biljke (VB, VB1 i VB2), VK, DL, SL, morfologiju metlice (MAX, MIN i DGM), komponente prinosa (PKO, BZR i M) (Grafik 25 a, b i c). Na osnovu obuhvaćene varijabilnosti, najdiskriminativnije su u tom pogledu bile PC1-PC2 ose.

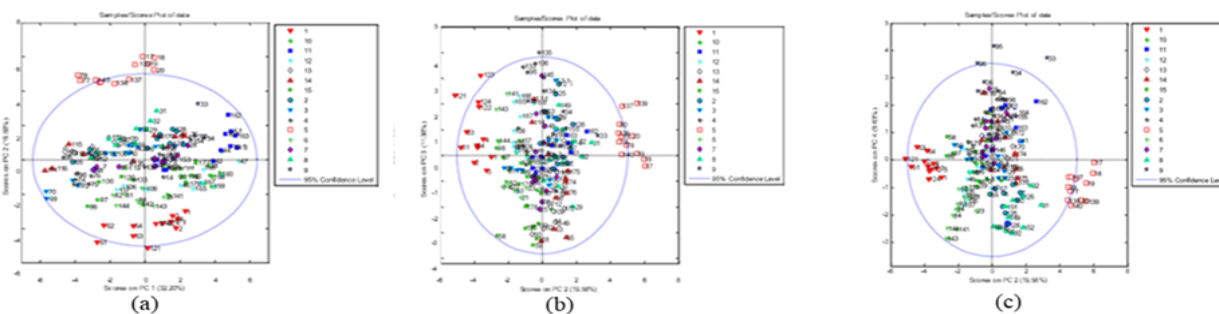
Faktor - godina setve



Grafik 25. Projekcije osobina i genotipova za faktor Godina između: (a) prve dve glavne komponente; (b) prve i treće glavne komponente i (c) druge i treće glavne komponente

PC analiza je utvrdila značajan uticaj faktora Genotip na posmatrane osobine. Iako je uočena veoma slična definisanost osa odgovarajućim osobinama (poređenjem sa PCA za faktor Godina), utvrđena je suprotna korelisanost osobina koje definišu PC2 osu (Tabela 10). Na osnovu obuhvaćene varijabilnosti, najdiskriminativnije su bile PC1-PC2 ose, rezultirajući najjasnijim razdvajanjem genotipova. Najjasnija separacija je uočena za liniju G5 koju karakterišu najviše vrednosti za P i komponente prinosa (BRZ i PKO) i najniže vrednosti za morfologiju metlice. Prema svim navedenim osobinama izuzev P opozitna joj je linija G1. Liniju G11 karakterišu najviše vrednosti VB, VB1, VB2, VK, SL i SZ, a liniju G13 najmanje vrednosti za BZR, SZ, M i P. Najveću DL imao je genotip G15 (FAO 600), a najmanju linija G3 (FAO 300). Prosečnost većine posmatranih osobina je bila najizraženija kod linije G7 (Grafik 26 a, b i c).

Faktor - genotipovi



Grafik 26. Projekcije osobina i genotipova za faktor Genotip između: (a) prve dve glavne komponente; (b) prve i treće glavne komponente i (c) druge i treće glavne komponente

Analizom je izdvojeno ukupno 15 osobina koje su u slučaju faktora Genotip i Godina značajno doprinele ukupnoj varijabilnosti. Utvrđeno je da je u prve četiri PC ose čije su *Eigen* vrednosti bile > 1 objašnjeno više od 70% ukupne varijabilnosti između genotipova, na osnovu trogodišnjih prosečnih vrednosti posmatranih agro-morfoloških osobina za obe gustine i roka setve (Tabela xx).

U istraživanju Magudeeswari i sar., (2019) PC analizom 12 genotipova kukuruza, 49,87% ukupne varijabilnosti obuhvaćeno je u prve tri glavne komponente. U drugom istraživanju koje je sprovedeno od strane Hemavathy (2020) na genotipovima kukuruza šećerca, prvih šest PC osa obuhvatilo je 63,83% ukupne varijabilnosti.

Prve dve PC ose u slučaju oba faktora (Godina i Genotip) su bile najdiskriminativnije s obzirom da su obuhvatile više od 50% ukupne varijabilnosti sistema što je u skladu sa rezultatima Syafii i sar. (2015).

Za oba faktora (Genotip i Godina) utvrđena je veoma slična definisanost PC osa određenim osobinama što potvrđuje značaj tih osobina u proceni ukupne fenotipske varijabilnosti analiziranih inbred linija. Visoke vrednosti faktorskih opterećenja (*factor loading*) > 0,70 ukazuju na jačinu uticaja ovih osobina u definisanju ukupne varijabilnosti i na jačinu njihovih međusobnih veza.

Saleh i sar., (2022) u svom istraživanju su testirali linije i hibride kukuruza na dve lokacije praćenjem 15 agro-morfoloških osobina. Rezultati njihovog istraživanja ukazali su na jako sličnu definisanost prvih pet PC osa određenim osobinama za obe lokacije, pri čemu su najveći doprinos divergentnosti genotipova imale osobine: broj dana do svilanja i metličenja, ASI, PKO i DK.

Varijabilnost agro-morfoloških osobina je rezultat uticaja više faktora uključujući i faktore Godina i Genotip što je potvrđeno ovim istraživanjem. Naime projekcije osobina i genotipova za faktor Godina (Grafik 1a, b, c) prilično jasno izdvajaju drugu godinu istraživanja na negativnu stranu PC1 ose ukazujući na nepovoljne agro-ekološke uslove. Ovakvi uslovi rezultovali su nižim prosečnim vrednostima većine agro-morfoloških osobina, a naročito visina biljke (VB, VB1 i VB2), VK, DL, SL, morfologije metlice (MAX, MIN i DGM) i komponenata prinosa (PKO, BZR i M).

Sve navedene osobine uz P i BRZ za faktor Genotip najviše su uticale na raspored genotipova u okviru PC osa (Grafik 2a, b, c). Najjasnija separacija je uočena za liniju G5 grupe zrenja FAO 400 koju karakterišu najviše vrednosti za P i komponente prinosa (BRZ i PKO) i najniže vrednosti za morfologiju metlice. Prema navedenim osobinama izuzev P opozitna joj je linija G1. Iz grupe zrenja FAO 600 izdvojile su se linija G11 koju karakterišu najviše vrednosti visine biljke, VK, SL i SZ i linija G13 sa najmanjim vrednostima za BZR, SZ, M i P. Najveću DL imao je genotip G15 (FAO 600), a najmanju linija G3 (FAO 300). Prosečnost većine posmatranih osobina je bila najizraženija kod linije G7 (FAO 500).

Analizom 47 inbred linije kukuruza na osnovu 10 kvantitativnih osobina Mounika i sar. (2018) su ustanovili da je u prve četiri PC ose obuhvaćeno 80,35% ukupne varijabilnosti genotipova. Ustanovili su da su osobine: broj dana do svilanja i metličenja, VB, VK, M, P, BRZ i BZR najviše doprinele ukupnoj varijabilnosti genotipova.

Rezultati PC analize za oba faktora ukazuju na značajan doprinos osobina (visina biljke, visine klipa, dužina i širina lista, dužine osa i grana metlice) prinosa i komponenata prinosa (BZR, BRZ i M) fenotipskoj karakterizaciji inbred linija kukuruza. Činjenica da je došlo do poklapanja gotovo svih osobina koje definišu ukupnu varijabilnost genotipova u slučaju oba faktora, ukazuje na genetičku pozadinu utvrđenih razlika.

6.1.8. AMMI model procene stabilnosti prinosa inbred linija kukuruza

Sposobnost genotipa da u različitim sredinama ostvari ujednačen i visok prinos je veoma važna. Iz tog razloga se genotipovi testiraju u višegodišnjim i/ili višelokacijskim ogledima. Manja osetljivost na promenljive uslove spoljašnje sredine (manji doprinos interakciji) dovodi do veće stabilnosti genotipova u pogledu prinosa ili nekih drugih osobina (Pramanik i sar., 2024).

Primenjen je AMMI model - *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* za analizu interakcije genotip x spoljašnja sredina ($G \times E$) i procenu stabilnosti 15 inbred linija kukuruza za prinos. Ova metoda u prvom koraku podrazumeva analizu varijanse (ANOVA), a potom analizu glavnih komponenata (PCA) na neaditivnom ostatku ($G \times E$) interakciji (Mafouasson i sar., 2018).

Analiza varijanse AMMI modela (Tabela 11) je ukazala da su u prvom roku setve svi izvori variranja (tretman, genotip i godina) imali statistički značajan ($p < 0.01$) uticaj na ekspresiju prinosa zrna, kao i na postojanje statistički značajne interakcije, što je u skladu sa rezultatima Mwendo i sar. (2024). Razlike između godina su bile najvažniji faktor koji je uticao na prinos semena sa 37,78% objašnjene sume kvadrata. Razlike među genotipovima objašnjavaju 30,81% totalne varijacije, a interakcije 23,38%. Na osnovu udela prve dve glavne komponente IPC1 i IPC2 sa (63,64% i 36,36%, respektivno) u sumi kvadrata interakcije, odabran je AMMI1 model. Dobijeni rezultati su u skladu sa rezultatima (Supriadi i sar., 2024).

Tabela 11. Analiza varijanse AMMI modela za prinos zrna inbred linija kukuruza Rok 1

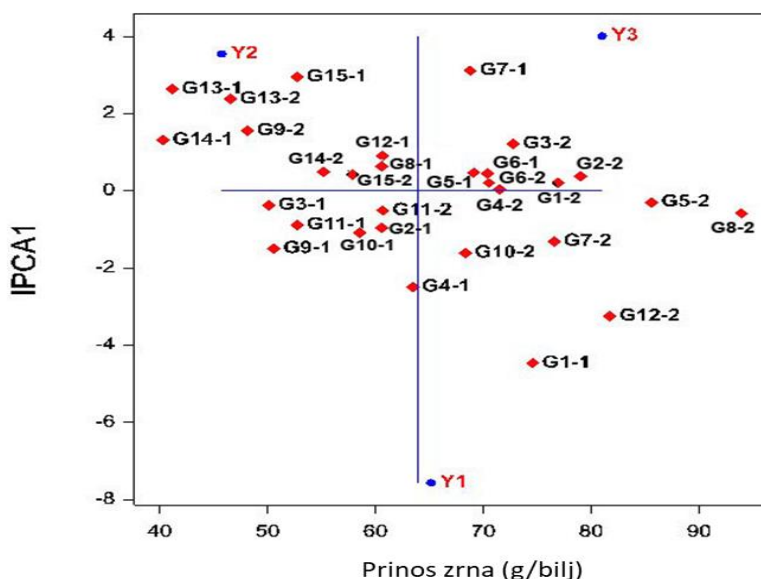
Izvor variranja	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F – izrač.	F – verovatn.
Total	179	98837	552	-	-
Tretman	89	90987	1022	11,84	0,00000
Genotip	29	30450	1050	12,16	0,00000
Godina	2	37426	18713	166,01	0,00000
Interakcije	58	23111	398	4,62	0,00000
IPCA1	30	14707	490	5,68	0,00000
IPCA2	28	8404	300	3,48	0,00000
Greška	87	7512	86	-	-

AMMI model generiše AMMI1 biplot koji daje vizuelne informacije o potencijalu prinosa i performansama stabilnosti genotipova koji se procenjuju (Esan i sar., 2023).

U AMMI1 biplotu ordinata predstavlja vrednosti prve glavne komponente (IPCA1), dok apcisa prikazuje prosečan prinos zrna genotipova. Vertikalna linija u centru biplota predstavlja opšti prosek. Svi genotipovi, koji se nalaze levo od te linije imaju manju vrednost od prosečne za datu osobinu, a svi koji se nalaze udaljeni udesno imaju iznad prosečnu vrednost te osobine. Genotipovi koji su skoncentrisani oko te linije su u okviru proseka te osobine. Genotipovi koji su blizu apcise (vodoravne linije) ali se nalaze na desnoj strani od uspravne linije, smatraju se stabilnim sa iznadprosečnim vrednostima za datu osobinu, dok genotipovi koji su blizu apcise ali se nalaze na levoj strani od uspravne linije, smatraju se stabilnim ali sa ispodprosečnim vrednostima posmatrane osobine (Wang i sar., 2023).

Za svaki ispitivani genotip na AMMI1 biplotu su po roku setve (Rok1 i Rok2) prikazane prosečne vrednosti prinosa (g / biljka) za obe gustine setve (-1, -2).

U trogodišnjem periodu istraživanja, u prvom roku setve (Grafik 27), analiza interakcije ukazuje na različite reakcije genotipova na uslove spoljašnje sredine tokom ispitivanih vegetacionih sezona. Kao najstabilniji genotip sa iznadprosečnom vrednošću prinosa zrna (71,50g) izdvojio se genotip G4 pri manjoj gustini setve. Pri manjoj gustini setve sa prinosom iznad proseka i slabim efektom interakcije izdvojili su se genotipovi (G1 i G2) sa prinosom iznad proseka (76,93 i 78,95g), respektivno. Posmatrano za obe gustine setve, kao genotipovi sa izraženom stabilnošću, izdvojili su se G6, G5 i G8. Iznadprosečan prinos pri obe gustine setve imale su linija G6 (70,34 i 70,52g) i linija G5 (69,10 i 85,62g). Linija G8 je bila najprinosnija od svih genotipova (93,93g) pri manjoj gustini setve ali je pri većoj gustini setve imala nešto manji prinos od proseka (60,62g). Najveći efekat interakcije, a time i najmanja stabilnost, uočena je kod genotipa G1 u prvoj gustini setve i kod genotipa G12 u drugoj gustini setve.



Grafik 27. AMMI1 biplot za prinos zrna 15 inbred linija kukuruza (Rok 1)

Genotipovi locirani u prvom kvadrantu su ispoljili pozitivnu interakciju sa trećom godinom ispitivanja, dok su genotipovi iz drugog kvadranta najbolju ekspresiju ispoljili u prvoj godini istraživanja. Genotipovi iz trećeg i četvrtog kvadranta su ostvarili prosečne prinose zrna niže u odnosu na prosečnu vrednost prinosa u ogledu za sve tri godine istraživanja.

Sve tri analizirane godine su ispoljile visok efekat interakcije što ukazuje da ni u jednoj godini nisu vladali povoljni uslovi u kojima bi genotipovi postigli stabilnu reakciju. Ipak, genotipovi su najveći posećan prinos zrna ostvarili u trećoj, klimatski najpovoljnijoj godini (81,03g), zatim prvoj (65,16g) takođe optimalnoj godini za gajenje kukuruza, a najniži u drugoj sušnoj godini (45,77g).

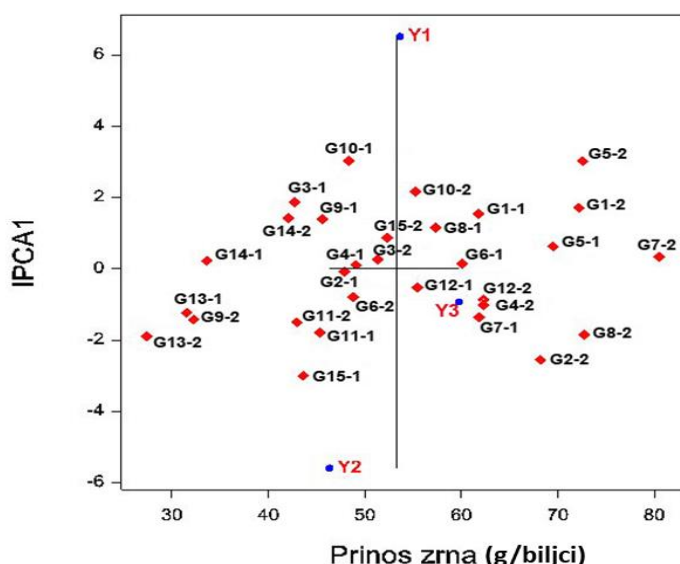
U drugom roku setve koji je usledio deset dana nakon prvog, AMMI analizom (Tabela 12) ustanovljen je statistički značajan uticaj ($p < 0.01$) izvora variranja (tretman, genotip i godina) na ekspresiju prinosa zrna, kao i na postojanje statistički značajne interakcije. Međutim, za razliku od prvog roka setve gde su godina i genotip imali približan uticaj na varijacije u prinosu, u drugom roku uticaj genotipa je bio dosta izraženiji. Naime udeo genotipa (49,63%) u ukupnoj sumi kvadrata bio je za 5,7 puta veći od udela godine (8,73%) i za 1,7 puta veći od udela interakcije (29,19%). Udeo prve glavne komponente (IPCA1) u sumi kvadrata interakcije iznosi 59,09%, a komponente IPCA2, 40,91%.

Rezultati istraživanja Bocianowski i sar., (2024) ukazuju da je najveći uticaj na variranje prinosa imao genotip (35,20%), zatim godina (25,12%) i njihova interakcija (21,18%). Azrai i sar., (2022) su ustanovili da je udeo varijacija objašnjenih glavnim efektom godina iznosio 76,7%, ubedljivo viši nego udeo interakcije (7.0%) i genotipa (4.2%).

Tabela 12. Analiza varijanse AMMI modela za prinos zrna inbred linija kukuruza Rok 2

Izvor variranja	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F – izrač.	F – verovatn.
Total	179	64677	361,3	-	-
Tretman	89	56386	633,5	6,89	0,00000
Genotip	29	32098	1106,8	12,04	0,00000
Godina	2	5412	2706,0	27,57	0,00000
Interakcije	58	18876	325,4	3,54	0,00000
IPCA1	30	11153	371,8	4,04	0,00000
IPCA2	28	7723	275,8	3,00	0,00000
Greška	87	7997	91,9	-	-

Na AMMI1 biplotu u drugom roku setve (Grafik 28), najizraženiju stabilnost i iznadprosečni prinos (60,07g) imao je genotip G6 pri gušćoj setvi, praćen genotipom G7 sa prinosom (80,54g) u ređoj setvi. Sa izraženom stabilnošću pri obe gustine setve i sa prinosom zrna iznad opšteg proseka (55,48 i 62,51g) izdvojio se genotip G12. Genotip G5 je i u drugom roku pri obe gustine setve imao prinos iznad proseka (69,4 i 72,5g) s tim što je pri većoj gustini imao izraženu stabilnost dok je pri manjoj gustini setve ispoljio jak efekat interakcije. Manja gustina setve je i kod genotipova G2 i G8 uslovlila prinos iznad proseka (68,2g i 72,74g) respektivno, ali i izražen efekat interakcije.



Grafik 28. AMMI1 biplot za prinos zrna 15 inbred linija kukuruza (Rok 2)

U slučaju drugog roka, genotipovi gornjeg desnog kvadranta ispoljili su pozitivnu interakciju sa prvom, a donjeg kvadranta sa trećom godinom istraživanja. Genotipovi sa visinom prinosa ispod opšteg proseka locirani su sa leve strane preseka osa.

Inbred linije su najveći prosečan prinos ostvarile u trećoj (59,75g), zatim prvoj (53,65), a najmanji (46,34g) u drugoj godini istraživanja.

Značajno variranje u prinosu zrna u oba roka setve rezultat je činjenice da je ogled trajao tri godine koje su se međusobno razlikovale po srednjim mesečnim temperaturama, temperaturnim sumama, količini i rasporedu padavina tokom vegetacionog perida. Takođe, analizirani genotipovi se razlikuju po dužini vegetacionog perida i potencijalu za prinos što je značajno doprinelo variranju u prinosu zrna kako u okviru iste, tako i između različitih grupa zrenja. Uticaj roka i gustine setve takođe je doprineo visini i stabilnosti prinosa genotipova. Efekat interakcije postaje složeniji sa povećanjem broja faktora koji imaju uticaj na genotip (Ali i sar., 2022).

Svaki genotip raspolaže maksimalnim potencijalom za prinos u određenim agro-ekološkim uslovima gajenja. Prema Chipeta i sar. (2024), genotip sa generalnom tj. širokom adaptibilnošću, dosledno je dobro rangiran tj. stabilan u širokom arealu gajenja. Sa druge strane sposobnost genotipa da ostvaruje visoke prinose samo u određenom rejonu govori o specifičnoj tj. užoj adaptibilnosti. Šira adaptibilnost rezultuje nižim prinosom, dok viši prinos daju genotipovi uže adaptibilnosti (Bustos-Korts i sar., 2018).

Na osnovu rezultata AMMI analize u prvom roku po stabilnosti i visini prinosa iznad opšteg proseka u obe gustine setve izdvojili su se genotipovi G5 i G6 grupe zrenja FAO 400, praćeni linijom G8 (FAO 500). U drugom roku po istom kriterijumu izdvojila se linija G12 (FAO 600). Navedeni genotipovi se mogu smatrati pogodnim za gajenje u širem agro-ekološkom arealu.

Prvi rok i manja gustina setve pozitivno su uticali na visinu i stabilnost prinosa linija G4, G1 i G2 grupe zrenja FAO 300–400. U drugom roku iznadprosečan prinos i slab efekat interakcije imale su linije G5 i G6 pri većoj i linija G7 pri manjoj gustini sklopa. Za njih se procenjuje da poseduju užu adaptibilnost.

Branković i sar. (2018) ustanovili su najveću stabilnost i visinu prinosa kod genotipova srednje rane grupe zrenja koji su ispoljili manju osetljivost na visoke julske temperature u odnosu na genotipove kasnije grupe zrenja. Takođe su istakli da su količine padavina tokom juna meseca bile u pozitivnoj korelaciji sa visinom prinosa. Rezultati većeg broja istraživanja ukazuju da su srednje kasni do kasni hibridi kukuruza bolje adaptirani na agro-ekološke uslove Srbije i daju više i stabilnije prinose od ranih grupa zrenja (Pavlov i sar., 2023).

6.1.9. Fenotipske korelacije

Koeficijentima korelacije se određuje stepen i pravac međusobne zavisnosti dve osobine.

Fenotipske korelacije između svih posmatranih agro-morfoloških osobina po godini istraživanja utvrđene su pomoću *Pearson*-ovog koeficijenta korelacije, a rezultati korelacione analize su prikazani u tabelama 13, 14 i 15.

6.1.9.1. Fenotipske korelacije između morfoloških osobina

Uočen je pozitivan trend između morfoloških osobina izuzev (BGM i BRL). Pored negativnog trenda korelacija BGM sa ostalim osobinama, statistička značajnost ($p \leq 0,05$) je utvrđena samo sa DGM prve i treće godine.

Dobijeni rezultati su delimično u saglasnosti sa rezultatima istraživanja Shojaei i sar., (2024) koji ukazuju na značajne pozitivne korelacije između osobina: BGM, DGM, VB, DL i SL.

Negativan trend korelacija imao je BRL sa VK, DL i morfologijom metlice, a statistički značajne ($p \leq 0,01$ u 2016. godini i $p \leq 0,05$ u 2017. i 2018. godini) imao je samo sa dužom osom metlice (MAX). U svakoj godini visoko značajne pozitivne korelacije bile su između visina biljke (VB, VB1, VB2), između dužina osa metlice (MIN i MAX) i između kraće ose (MIN) i DGM, respektivno, što je i očekivano s obzirom da se radi o izvedenim osobinama. U drugoj godini ispitivanja je utvrđena visoko značajna pozitivna korelacija između VB i DL, a u trećoj između visina biljke i VK.

Ezin i sar., (2022) ustanovili su jake pozitivne korelacije između visine biljke, visine klipa, broja listova iznad primarnog klipa i dužine lista, a slabije izražene korelacije između dužine ose metlice i dužine grana metlice. Pozitivnu korelaciju (0.87^{**}) između duže i kraće ose metlice ustanovili su Bódi i sar., (2008). Pozitivne korelacije između visine biljke i visine klipa ustanovili su Boćanski (1995) i Jatto i sar. (2015).

Širina lista (SL) bila je u pozitivnoj ($p \leq 0,05$) korelaciji druge godine sa VK, a treće sa (VB, VB1 i VB2) i statistički značajnoj ($p \leq 0,01$) sa VK.

U istraživanju Sharma i sar. (2014) širina lista je bila jedino sa visinom klipa u pozitivnoj (0.469^{*}) korelaciji, dok je DL bila u visoko značajnim pozitivnim korelacijama sa visinom biljke, ukupnim brojem listova, brojem zrna u redu i prinosom zrna.

6.1.9.2. Fenotipske korelacije između komponenata prinosa

Od komponenata prinosa najveći broj statistički značajnih korelacija utvrđen je za PK, BRZ i BZR. Prečnik klipa je bio u visoko značajnoj pozitivnoj korelaciji sa DZ prve i druge godine i sa PKO prve i treće godine.

Analizirajući međuzavisnost prinosa i devet komponenata prinosa kukuruza, Nikolić i sar. (2013) su ustanovili pozitivne visoko značajne fenotipske korelacije DZ sa SZ i PK. Visoko značajne pozitivne korelacije između PK i PKO ustanovili su Rigon i sar., (2014).

Broj redova zrna bio je u pozitivnoj korelaciji sa PKO i DZ, a statistička značajnost ($p \leq 0,05$) je utvrđena samo u drugoj godini. Negativna korelacija ($p \leq 0,05$) u sve tri godine bila je između BRZ i SZ, a između BRZ i DK prve i treće godine. Osobina BZR je u sve tri godine bila u pozitivnoj korelaciji sa DK, a statistički značajna ($p \leq 0,01$) u prve dve godine. Negativan trend korelacija BZR sa DEZ i SZ uočen je u sve tri godine, a statistička značajnost ($p \leq 0,01$) utvrđena je samo sa DEZ, koja je druge i treće godine bila u značajnoj pozitivnoj korelaciji ($p \leq 0,05$) sa M.

Visoko značajnu, pozitivnu i jaku fenotipsku međuzavisnost između BZR i DK ustanovili su u svom istraživanju Prasad i Shivani (2017). Visoko značajne pozitivne korelacije između BRZ i PK i između BZR i DK ustanovili su Reddy i sar., (2022). Chen i sar. (2016) su u svom istraživanju ustanovili negativne korelacije ($p \leq 0,01$) BRZ sa SZ i DEZ i između BZR i DEZ i značajne pozitivne korelacije između M i DZ i između SZ i DEZ.

6.1.9.3. Fenotipske korelacije između morfoloških osobina i komponenata prinosa

Analizom odnosa morfoloških osobina i komponenata prinosa utvrđena je međuzavisnost DK sa morfologijom metlice. U sve tri godine DK je bila u pozitivnoj ($p \leq 0,01$) korelaciji sa MIN i DGM, a u prve dve godine u negativnoj ($p \leq 0,05$) sa BGM. Uočene su pozitivne korelacije dužine klipa (DK) sa ostalim morfološkim osobinama u sve tri godine, a značajna korelacija ($p \leq 0,05$) sa VB u prve dve godine.

Visoko značajne pozitivne korelacije visine biljke i visine klipa sa dužinom klipa u svom istraživanju ustanovili su (Devasree i sar., 2020; Nataraj i sar., 2014; Ren i sar., 2022). Analizirajući odnos osobina metlice (broj grana, dužina i težina metlice) sa visinom, dužinom i prečnikom klipa, rezultati Sofi (2007) bili su suprotni, naime ustanovljena je značajna pozitivna korelacija između broja grana metlice i dužine klipa i značajna negativna korelacija dužine ose metlice sa dužinom klipa. Istaknuto je i da su osobine metlice u fiziološkom smislu (asimilati) i fizičkom smislu (efekat zasene), u kompeticiji sa navedenim osobinama klipa, tj. da su genotipovi kukuruza sa razvijenijim metlicama manje produktivni i obrnuto. Značajnu pozitivnu korelaciju između dužine i oblika klipa sa jedne strane i dužine grana metlice sa druge strane u svom istraživanju izneo je Anderson (1944).

Morfologija klipa (PK, PKO i BRZ) bila je u negativnoj korelaciji sa morfologijom metlice (MAX, MIN i DGM), a statistički značajna ($p \leq 0,05$, $p \leq 0,01$) u sve tri godine između PKO i morfologije metlice. Uočen je i negativan trend DL sa PKO i BRZ. Osobina BZR je bila u pozitivnoj korelaciji sa DGM i u negativnoj sa BGM, a statistička značajnost ($p \leq 0,05$) utvrđena je samo prve godine. Dobijeni rezultati bili su delimično u saglasnosti sa rezultatima istraživanja Ezin i sar. (2022) koji su ustanovili pozitivne ali ne i statistički značajne korelacije između: dužine ose metlice i prečnika klipa, dužine lista sa jedne strane i prečnika klipa i broja redova zrna sa druge strane i između broja primarnih grana metlice i broja zrna u redu.

U dve optimalne godine za gajenje kukuruza (prvoj i trećoj), SL i DZ su bile u pozitivnoj korelaciji sa većinom osobina, što nije bio slučaj i u drugoj, izrazito sušnoj godini. Statistički značajne pozitivne korelacije ($p \leq 0,01$) utvrđene su između visina biljke i DZ. Za DEZ i M druge i treće godine uočene su negativne, ali ne i statistički značajne korelacije sa većinom morfoloških osobina. Analizom 10 agronomskih osobina kod 59 genotipova kukuruza Long i sar. (2024) ustanovili su pozitivne ali ne i statistički značajne korelacije između visine biljke i širine zrna.

6.1.9.4. Fenotipske korelacije između prinosa i svih analiziranih osobina

Prinos nije bio u statistički značajnim korelacijama ni sa jednom morfološkom osobinom.

Faria i sar. (2022) analizom 18 agro-morfoloških osobina 187 inbred linija kukuruza ustanovili su da prinos sa većinom osobina nije bio u korelaciji dok je sa manjim brojem osobina bio u slabim korelacijama. Regmi i sar. (2022) analizom trinaest agro-morfoloških osobina kod 14 genotipova kukuruza ustanovili su pozitivne korelacije prinosa sa visinom biljke, visinom klipa i brojem listova, a statistički značajne pozitivne korelacije između prinosa i komponenata prinosa (DK, PK, BRZ, BZR, težinom oklaska i masom 1000 zrna). Analizom međusobnih odnosa osam agro-morfoloških osobina inbred linija kukuruza Boćanski i sar. (2009) su ustanovili visoko značajne pozitivne korelacije P sa VB i VK, a potom i P sa komponentama prinosa (DK, PK, M i težina oklaska).

Prinos je bio u visoko značajnoj ($p \leq 0,001$) pozitivnoj korelaciji sa BZR druge godine i sa M prve godine istraživanja.

Srećkov i sar. (2023) ustanovili su pozitivne i jake fenotipske korelacione veze između P i BZR (0,942**), P i DK (0,799**) i P i M (0,759**). Jaku fenotipsku međuzavisnost između P i BZR i srednje jaku vezu između P, sa jedne strane i DK i M sa druge strane ustanovili su Priyanto i sar. (2023). Prinos zrna po biljci bio je u visoko značajnoj pozitivnoj zavisnosti (0,99**) sa masom 100 zrna (Beulah i sar., 2018). Kravić i sar. (2015) izneli su da je prinos zrna bio u statistički značajnoj i pozitivnoj korelaciji sa BRZ ($p \leq 0,05$) i BZR ($p \leq 0,01$).

Većina *Peerson*-ovih koeficijenata korelacije među osobinama nije bila statistički značajna. Broj i jačina statistički značajnih korelacija između većine analiziranih agro-morfoloških osobina se razlikovao po godini istraživanja.

Fenotipske korelacije predstavljaju odraz genetičke strukture u datom trenutku. Različiti agroekološki uslovi tokom vegetacionih sezona dovode do razlika u jačini korelacione veze između dve osobine (Boćanski i sar., 2009). Uzimajući u obzir da su mnogi istraživači do sada dolazili do različitih rezultata analizirajući povezanost istih osobina, nameće se zaključak da je materijal na kom se radi glavni uzrok toga (Čamdžija, 2014). Mitrović (2013) navodi da koeficijenti korelacije nisu konstantni i da se manjaju u različitim uslovima gajenja.

Tabela 13. Korelaciona matrica između ispitivanih agro-morfoloških osobina 2016. godine

	VB	VB1	VB2	VK	DL	SL	BRL	MAX	MIN	DGM	BGM	DK	PK	PKO	BRZ	BZR	SZ	DZ	DEZ	M	P
VB		0,965	0,972	0,704	0,503	0,358	0,135	0,359	0,499	0,404	-0,351	0,573	0,363	-0,264	-0,195	0,434	0,482	0,624	-0,166	0,498	0,275
VB1	***		0,988	0,615	0,367	0,347	0,346	0,102	0,301	0,261	-0,379	0,486	0,472	-0,134	-0,076	0,403	0,422	0,735	-0,265	0,487	0,300
VB2	***	***		0,640	0,368	0,366	0,264	0,173	0,284	0,223	-0,259	0,459	0,508	-0,112	-0,064	0,352	0,451	0,752	-0,181	0,511	0,286
VK	**	*	*		0,603	0,462	-0,315	0,479	0,514	0,328	-0,095	0,221	0,176	-0,254	-0,298	0,144	0,454	0,229	-0,082	0,075	-0,315
DL	niz	niz	niz	*		-0,069	-0,462	0,603	0,693	0,510	-0,329	0,305	-0,374	-0,670	-0,554	0,331	0,158	-0,045	-0,265	0,189	-0,069
SL	niz	niz	niz	niz	niz		0,102	0,135	0,132	0,254	-0,096	0,210	0,382	0,259	-0,082	0,099	0,520	0,170	0,027	0,021	-0,019
BRL	niz	niz	niz	niz	niz	niz		-0,709	-0,406	-0,197	-0,331	0,136	0,446	0,332	0,396	0,076	-0,051	0,496	-0,210	0,154	0,325
MAX	niz	niz	niz	niz	*	niz	**		0,823	0,610	0,004	0,448	-0,299	-0,517	-0,496	0,187	0,356	-0,239	0,316	0,180	-0,036
MIN	niz	niz	niz	*	**	niz	niz	***		0,845	-0,508	0,655	-0,394	-0,659	-0,591	0,463	0,330	-0,224	-0,018	0,165	0,060
DGM	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	***		-0,585	0,611	-0,408	-0,578	-0,446	0,551	0,177	-0,312	-0,114	-0,083	-0,023
BGM	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*		-0,584	0,374	0,455	0,464	-0,600	-0,059	0,105	0,555	-0,261	-0,352
DK	*	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	*	*		-0,045	-0,230	-0,567	0,680	0,536	0,109	-0,137	0,383	0,401
PK	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz		0,729	0,464	-0,143	0,438	0,842	0,095	0,115	0,059
PKO	niz	niz	niz	niz	**	niz	niz	*	**	*	niz	niz	**		0,325	-0,274	0,330	0,385	0,028	-0,197	-0,124
BRZ	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	*	niz	niz	*	niz	niz		-0,343	-0,531	0,267	0,242	-0,324	0,010
BZR	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	*	niz	niz	*	niz	niz	niz		0,072	-0,016	-0,577	0,059	0,421
SZ	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	*	niz		0,424	0,119	0,376	-0,012
DZ	*	**	**	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	***	niz	niz	niz	niz		-0,052	0,479	0,311
DEZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz		0,082	-0,134
M	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz		0,651
P	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	

Legenda: VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; BRL – broj listova; MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – dužina bočnih grana metlice; BGM – broj primarnih grana metlice; DK – dužina klipa; PK – prečnik klipa; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; SZ – širina zrna; DZ – dužina zrna; DEZ – debljina zrna; M – masa sto zrna; P – prinos; * – nivo značajnosti $p \leq 0,05$; ** – nivo značajnosti $p \leq 0,01$; *** – nivo značajnosti $p \leq 0,001$

Tabela 14. Korelaciona matrica između ispitivanih agro-morfoloških osobina 2017. godine

	VB	VB1	VB2	VK	DL	SL	BRL	MAX	MIN	DGM	BGM	DK	PK	PKO	BRZ	BZR	SZ	DZ	DEZ	M	P
VB		0,962	0,973	0,623	0,790	0,373	0,212	0,488	0,586	0,588	-0,278	0,528	0,073	-0,544	0,036	0,472	-0,127	0,116	-0,435	-0,306	0,226
VB1	***		0,991	0,592	0,696	0,348	0,408	0,232	0,371	0,450	-0,300	0,435	0,203	-0,400	0,171	0,482	-0,152	0,298	-0,481	-0,358	0,227
VB2	*	***		0,633	0,702	0,360	0,327	0,298	0,382	0,431	-0,207	0,412	0,216	-0,415	0,203	0,455	-0,167	0,284	-0,479	-0,368	0,227
VK	***	*	*		0,384	0,550	-0,163	0,333	0,269	0,212	0,233	-0,015	0,042	-0,412	0,068	0,040	0,070	-0,010	-0,082	-0,368	-0,222
DL	***	**	**	niz		0,021	-0,034	0,591	0,696	0,713	-0,261	0,462	-0,090	-0,591	-0,011	0,479	-0,267	-0,083	-0,369	-0,285	0,318
SL	niz	niz	niz	*	niz		0,047	0,214	0,229	0,213	-0,203	0,038	-0,030	-0,351	-0,348	-0,054	0,491	-0,047	0,065	0,162	-0,290
BRL	niz	niz	niz	niz	niz	niz		-0,556	-0,297	0,071	-0,477	0,151	0,191	0,244	0,214	0,099	0,004	0,461	-0,062	0,051	-0,018
MAX	niz	niz	niz	niz	*	niz	*		0,903	0,657	-0,022	0,490	-0,393	-0,663	-0,417	0,137	0,029	-0,542	-0,011	0,046	0,078
MIN	*	niz	niz	niz	**	niz	niz	***		0,836	-0,383	0,666	-0,465	-0,719	-0,566	0,289	0,078	-0,529	-0,058	0,065	0,109
DGM	*	niz	niz	niz	**	niz	niz	***	***		-0,452	0,528	-0,568	-0,648	-0,443	0,166	-0,004	-0,515	-0,007	-0,056	-0,104
BGM	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz		-0,576	0,297	0,350	0,303	-0,338	-0,082	0,069	0,132	-0,333	-0,223
DK	*	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	*	*		-0,186	-0,426	-0,382	0,695	-0,142	-0,200	-0,424	-0,052	0,506
PK	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz		0,582	0,600	0,311	0,091	0,898	-0,238	-0,050	0,379
PKO	*	niz	niz	niz	*	niz	niz	**	***	**	niz	niz	*		0,561	-0,160	0,086	0,499	0,223	0,036	0,017
BRZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	*	*		0,079	-0,529	0,529	-0,272	-0,372	0,301
BZR	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	niz	niz	niz		-0,400	0,177	-0,829	-0,390	0,816
SZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz		0,122	0,664	0,512	-0,533
DZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	*	*	niz	niz	***	niz	*	niz	niz		-0,149	0,069	0,240
DEZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	***	**	niz		0,604	-0,697
M	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*		-0,106
P	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	***	*	niz	**	niz	

Legenda: VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; BRL – broj listova; MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – dužina bočnih grana metlice; BGM – broj primarnih grana metlice; DK – dužina klipa; PK – prečnik klipa; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; SZ – širina zrna; DZ – dužina zrna; DEZ – debljina zrna; M – masa sto zrna; P – prinos; * – nivo značajnosti $p \leq 0,05$; ** – nivo značajnosti $p \leq 0,01$; *** – nivo značajnosti $p \leq 0,001$

Tabela 15. Korelaciona matrica između ispitivanih agro-morfoloških osobina 2018. godine

	VB	VB1	VB2	VK	DL	SL	BRL	MAX	MIN	DGM	BGM	DK	PK	PKO	BRZ	BZR	SZ	DZ	DEZ	M	P
VB		0,975	0,973	0,765	0,693	0,601	0,169	0,335	0,467	0,557	-0,230	0,508	0,347	-0,041	-0,110	0,247	0,337	0,489	-0,223	-0,258	-0,241
VB1	***		0,994	0,761	0,644	0,611	0,304	0,116	0,282	0,411	-0,198	0,419	0,462	0,112	0,016	0,271	0,266	0,543	-0,332	-0,325	-0,216
VB2	***	***		0,774	0,626	0,629	0,290	0,135	0,251	0,385	-0,127	0,414	0,487	0,120	0,022	0,234	0,284	0,567	-0,299	-0,301	-0,250
VK	***	***	***		0,598	0,736	-0,188	0,196	0,242	0,150	0,106	0,212	0,453	0,229	0,001	0,097	0,168	0,337	-0,264	-0,384	-0,425
DL	**	**	*	*		0,378	-0,233	0,370	0,513	0,448	-0,083	0,186	0,184	-0,150	-0,155	0,172	0,178	0,411	-0,177	-0,129	-0,222
SL	*	*	*	**	niz		0,101	0,102	0,108	0,050	0,200	0,377	0,747	0,545	0,057	0,153	0,367	0,419	-0,057	-0,248	-0,362
BRL	niz	niz	niz	niz	niz	niz		-0,537	-0,403	-0,040	-0,127	0,149	0,354	0,372	0,377	0,134	-0,085	0,308	-0,118	-0,200	0,055
MAX	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*		0,888	0,737	-0,181	0,489	-0,400	-0,649	-0,555	-0,049	0,380	-0,114	0,415	0,225	-0,160
MIN	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	***		0,863	-0,479	0,544	-0,411	-0,633	-0,547	0,141	0,326	-0,121	0,210	0,073	-0,054
DGM	*	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	***		-0,545	0,672	-0,402	-0,620	-0,470	0,345	0,209	-0,127	0,021	-0,091	-0,119
BGM	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*		-0,457	0,474	0,430	0,579	-0,469	-0,251	0,209	0,255	-0,146	-0,425
DK	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	niz		0,058	-0,108	-0,604	0,408	0,673	0,057	0,046	0,055	-0,116
PK	niz	niz	niz	niz	niz	**	niz	niz	niz	niz	niz	niz		0,820	0,429	0,018	0,250	0,592	-0,117	-0,236	-0,178
PKO	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	**	*	*	niz	niz	***		0,431	-0,051	0,034	0,226	-0,201	-0,284	-0,276
BRZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	*	niz	*	*	niz	niz		-0,134	-0,684	0,066	-0,075	-0,508	-0,135
BZR	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz		-0,038	-0,312	-0,702	-0,432	0,050
SZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	**	niz	niz	niz		0,442	0,261	0,541	0,191
DZ	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz		0,200	0,284	0,114
DEZ	niz	*	*	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*	niz	niz	niz	niz	niz		0,607	0,145
M	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	*		0,486
P	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	niz	

Legenda: VB – visina biljke do vrha metlice; VB1 – visina biljke do najniže bočne grane metlice; VB2 – visina biljke do najviše bočne grane metlice; VK – visina klipa; DL – dužina klipnog lista; SL – širina klipnog lista; BRL – broj listova; MAX – dužina ose metlice od najniže bočne grane metlice; MIN – dužina ose metlice od najviše bočne grane metlice; DGM – dužina bočnih grana metlice; BGM – broj primarnih grana metlice; DK – dužina klipa; PK – prečnik klipa; PKO – prečnik koćanke; BRZ – broj redova zrna; BZR – broj zrna u redu; SZ – širina zrna; DZ – dužina zrna; DEZ – debljina zrna; M – masa sto zrna; P – prinos; * – nivo značajnosti $p \leq 0,05$; ** – nivo značajnosti $p \leq 0,01$; *** – nivo značajnosti $p \leq 0,001$

6.2. Procena uniformnosti inbred linija kukuruza

Primena različitih metoda za procenu genetičke originalnosti i uniformnosti je veoma važna u procesu oplemenjivanja, registrovanja novih sorti i trgovini semenom (Daniel i sar., 2012; Iqbal i sar., 2014).

Tradicionalno, morfološki markeri su formirali bazu za procenu genetičke uniformnosti. Morfološki markeri iziskuju dosta vremena, pod uticajem su faktora spoljašnje sredine, subjektivnosti

ocenjivača i podložni su fenotipskoj plastičnosti. Uprkos svemu tome, morfološke osobine su i dalje veoma važne u određivanju agronomske vrednosti i taksonomskoj klasifikaciji biljnih vrsta, uključujući i kukuruz (Ortiz i sar., 2008).

U poređenju sa morfološkom varijabilnošću, molekularni i biohemijski polimorfizam se smatra više informativnim (Gauthier et al., 2002).

6.2.1. Procena fenotipske uniformnosti po UPOV deskriptoru

U Laboratoriji za ispitivanje kvaliteta semena Instituta za kukuruz, sve roditeljske komponente se ispituju, u procesima priznavanja i umnožavanja. Na taj način se postiže njihova homozigotnost, genetička čistoća i pripadnost sertifikovanom genotipu. Samo takve roditeljske komponente se mogu dalje koristiti u proizvodnji hibridnog semena kukuruza (Sečanski i sar., 2015).

Uprkos činjenici da je genetička osnova većine morfoloških osobina još uvek nepoznata i da morfološke osobine obezbeđuju, u najboljem slučaju, indirektan način procene genetičke čistoće, njihovo posmatranje u poljskim ogledima i dalje je najšire korišćeni pristup za opisivanje sorti *de novo*, identifikaciju sorti i praćenje uniformnosti (Collard i sar., 2005).

Agro-morfološka karakterizacija je podrazumevala i vizuelno ocenjivanje osobina inbred linija kukuruza na osnovu kojih je istovremeno rađena procena fenotipske uniformnosti po UPOV deskriptoru. Biljke na kojima je rađeno vizuelno ocenjivanje su randomski odabrane i obeležene u fazi četvrtog lista radi praćenja osobina iz deskriptora do kraja vegetacionog perioda.

Prema načinu razmnožavanja vrste i tipu ispoljavanja osobina (kvalitativne–QL, kvantitativne–QN i pseudokvalitativne–PQ), uniformnost može biti procenjena na osnovu Off-type i STDEV (*Standard Deviation*) pristupa (UPOV 2019 a). U deskriptoru se u slučaju inbred linija i *single-cross* hibrida kukuruza ističe značajnost vizuelnih ocena u proceni uniformnosti uz mogućnost primene i STDEV pristupa. Takođe je istaknuto da bez obzira na ukupan broj biljaka koje se testiraju u okviru oglada, obe metode procene se mogu sprovesti na uzorku (UPOV 2019 b).

Od ukupno 22 vizuelno ocenjene osobine, tri su PQ (oblik vrha prvih listova, boja zrna u osnovi i boja zrna na vrhu), jedna QL (tip zrna) dok su ostale osobine QN. Svi genotipovi su okarakterisani na osnovu vizuelnih ocena praćenih na po 160 biljaka tokom tri godine istraživanja (Tabele 16 i 17).

Tabela 16. Fenotipska evaluacija vizuelnim ocenama osobina inbred linija kukuruza

Genotip	AR	OL	IB	TL	UL	PL	SC	AO	AP	AA	UM
G1	1	3	3	1	5	5	2	1	3-5	1-3-5	5
G2	1	2	2	3	3	5	2	1	3-5	1-3-5-7	1-3
G3	5	2	2	1	3	3	2-3	5	7	1	3
G4	3	1	2	2	5	5	2	1	7	7	5
G5	3	2	3	2	1	3	2	1	3	1	3
G6	3	3	2	1	3	5	2	1	5	5-7	3
G7	5	2	2	2	5	7	2	1	7	7	5-7
G8	3	2	2	1	3	5	2	1	5	9	3
G9	5	2	2	1	1	3	3	1	3	3	5
G10	7	2	3	2	1	3	2-3	1	5	3	5-7
G11	1	2	3	2	5	5	3	1	3	1	3
G12	1	2	3	2	3	5	2	1	3	1	1-3
G13	1	3	3	2	3	5	2-3	1	3	1	5
G14	1	3	3	2	3	5	2	1	3	1	5
G15	1	3	3	2	3	5	2	9	3	5	5-7

Legenda: AR – antocijani lisnog rukavca; OL – oblik vrha prvih listova; IB – intezitet zelene boje lista; TL – talasasost ivice lista; UL – ugao između stabla i lista; PL – položaj lista; SC – stepen (cik-caka); AO – antocijani u osnovi pleve; AP – antocijani na plevi bez osnove; AA - antocijani na svežim anterama; UM – Ugao glavne i bočnih grana metlice

Tabela 17. Fenotipska evaluacija vizuelnim ocenama osobina inbred linija kukuruza

Genotip	SM	AS	AK	GP	AR	AI	OK	TZ	BS	BZ	A
G1	5	1-3-5	1-3-5	5	3	1	2	1-2-4	4	5	5
G2	1-3	1-3-5	3	5	1	1	3	1-3-4	3-5-6	3	5-7-9
G3	3	5	7	5	3	1	2	1	5	4	5
G4	5	3	5	5	1	1	3	4	4	4	5
G5	3	7	3	3	3	1	3	3	4	4	7
G6	3	3	5	5	3	3	2	4	3	4	7
G7	5	9	9	5	3	3	3	4	3	3	3
G8	1	5	1	5	1	3	2	4	3	3	5
G9	7	3	9	5	5	3	3	1	5	1	1
G10	3	7	7	3	3	1	3	2	4	4	1
G11	3	3	3	7	1	1	3	2	4	4	5
G12	1	5	5	7	1	1	2	3	4	4	5
G13	1	5	5	7	3	1	3	2	3	1	1
G14	3	1	1	3	1	1	3	2	4	3	3
G15	5	7	7	3	1	5	3	3	4	4	5

Legenda: SM – Savijenost bočnih grana metlice; AS – Intezitet antocijana svile; AK – Intez. antoc. vazdušnih korenova; GP – Gustina plevica; AR – Antocijani lisnog rukavca; AI – Antocijn. obojenost internodija; OK – Oblik klipa; TZ – Tip zrna; BS – Boja zrna u osnovi (do koćanke); BZ – Boja na zrna na vrhu; AO – Antoc. obojenost koćanke

Broj biljaka van tipa, tj. broj *off-type* koji se može tolerisati u zavisnosti od veličine uzorka često se zasniva na fiksnom „populacionom standardu“ („*population standard*“) i „verovatnoći prihvatanja“, („*acceptance probability*“). Za procenu uniformnosti inbred linija primenjen je populacioni standard od 3% sa verovatnoćom prihvatanja od najmanje 95% (UPOV 2019 b). Naime, za uzorak od 160 biljaka (kao što je bio slučaj u ovom eksperimentu), dozvoljeno je devet *off-type* biljaka. Bez obzira na broj morfoloških osobina za koje biljka ima očigledno drugačije ispoljavanje od originalnog sortnog tipa, ona će se računati samo kao jedna *off-type* biljka.

U okviru vizuelne procene *off-tipova*, posebnu pažnju treba obratiti na osobine koje su ispoljile više od dva nivoa od mogućih pet nivoa ekspresije osobine (npr. antocijanska obojenost svile, boja antocijana korena i tip zrna). Iako se deo varijacije može pripisati dejstvu faktora spoljašnje sredine i subjektivnosti ocenjivača, velika variranja nesumnjivo ukazuju na odstupanje od uniformnosti genotipa. Razlog ovome može biti zaostala heterozigotnost i/ili kontaminacija polenom ili semenom nekog drugog genotipa (Josia i sar., 2021).

Na osnovu rezultata (Tabela 16 i 17), može se uočiti da genotipovi G1 i G2 nisu ispoljili zadovoljavajući nivo uniformnosti za određenje osobine dok su ostali genotipovi bili uniformni.

Biljke inbred linije G1 ispoljile su varijabilnost u četiri osobine: antocijanska obojenost antera (AA), antocijanska obojenost svile (AS), antocijanska obojenost vazdušnih korenova (AK) i tip zrna (TZ). Na osnovu ovih osobina uočeno je odstupanje od uniformnosti kod 16 biljaka prve godine, 11 biljaka druge i 12 biljaka treće godine, čime je utvrđeno odstupanje od uniformnosti od 10, 6,9 i 7,5% respektivno.

Biljke inbred linije G2 su ispoljile varijabilnost u pet osobina: AA, AS, TZ, boja zrna u osnovi (BS) i antocijanska obojenost koćanke (A). Broj biljaka koje su ispoljile varijabilnost u ovim osobinama bio je: 22 prve, 24 druge i 20 treće godine, što je značilo odstupanje od uniformnosti za 13,8, 15,0 i 12,5% respektivno.

Dobra inbred linija mora da zadovolji niz osobina kako bi postala elitna linija, tj. učestvovala u stvaranju komercijalnih hibrida. Među prvim u nizu su dobre kombinacione sposobnosti (Čamdžija, 2014).

S obzirom da su linije G1 i G2 odabrane za istraživanje na osnovu dobrih kombinacionih sposobnosti što nužno ne znači kraj ciklusa selekcije, utvrđeno odstupanje od uniformnosti

najverovatnije je rezultat nedovoljno generacija inbridinga. Stoga su poželjne dodatne generacije samooplodnje i opsežna selekcija kako bi dostigle potreban nivo homozigotnosti.

Svako odstupanje od sortne originalnosti tokom procesa umnožavanja, dovodi do pojave biljaka koje po karakteristikama nepredvidivo odstupaju od očekivanih, što može umanjiti prinose i narušiti proizvodnju kvalitetnog semena (Martin i sar., 2005). Procenjuje se da pad čistoće semena hibrida kukuruza za samo 1% može dovesti do gubitka od 135 kg/ha (Song i sar., 2013).

U istraživanju Kovinčić i sar., (2023) evaluacijom fenotipskih osobina po UPOV deskriptoru 2019. godine, utvrđeno je odstupanje od uniformnosti eksperimentalnog *single-cross* hibrida kukuruza. Sledeće godine (2020), radi preciznije ocene fenotipske uniformnosti isti hibrid (tj. isti uzorak semena korišćen za setvu 2019.) zajedno sa njegovim roditeljskim komponentama je podvrgnut poljskim ogledima i laboratorijskim ispitivanjima. Procena uniformnosti morfološkim markerima po UPOV deskriptoru podrazumevala je *STDEV* pristup za merene osobine i *off-type* pristup za vizuelno ocenjivane osobine. Analizirani genotipovi su bili uniformni po *STDEV* pristupu, dok je *off-tip* pristupom utvrđeno odstupanje od uniformnosti hibrida i njegove majčinske komponente za osobine (AA, AS, AK, TZ, BZ i dužinu bočnih grana metlice).

Rezultati istraživanja (Babić i sar. 2007, 2012 i 2022) potvrdili su efikasnost primene *off-type* pristupa u proceni uniformnosti hibrida i roditeljskih komponentata. Takođe su istakli da se osobine: talasastost ivice lista, ugao između lista i stabla, antocijanska obojenost (osnove pleve, pleve, antera, svile, vazдушnih korenova i kočanke) i tip zrna mogu preporučiti kao vrlo efikasne za procenu uniformnosti.

6.2.2. Procena genetičke uniformnosti proteinskim markerima

Biohemijska identifikacija biljnih genotipova se koristi da bi se osigurala genetička čistoća kako roditeljskih linija tako i rezultirajućih hibrida u komercijalnoj proizvodnji semena (Sammour, 2014). Polimorfizam proteina prisutan je između različitih biljnih genotipova što ih čini pouzdanim biohemijskim markerima. Rezervni proteini semena su korišćeni kao biohemijski markeri za identifikaciju mnogih biljnih vrsta (Akbar i sar., 2012; Anjali i Sanjai, 2012; Noli, 2004). Oni predstavljaju direktni proizvod gena i stabilni su pod različitim uslovima spoljašnje sredine (Yamagata i sar., 1982).

Ultra Tankoslojno Izoelektrično Fokusiranje (UTLIEF), primenjeno u ovoj disertaciji, predstavlja brzu, jeftinu i pouzdanu tehniku za razdvajanje rezervnih proteina semena. Ova metoda (tehnika) je korišćena za identifikaciju verifikaciju, kao i za ispitivanje genetičke čistoće semena više biljnih sorti (Hahn i Schoberlein 1999; Onwimol i sar. 2010; Wang i sar. 2000; Yan i sar. 2006; Zhao i sar. 2005). Međunarodna Asocijacija za Testiranje Semena (ISTA) je standardizovala UTLIEF metodu za identifikaciju različitih genotipova i procenu genetičke čistoće/homozigotnosti kod kukuruza i suncokreta (ISTA, 2007).

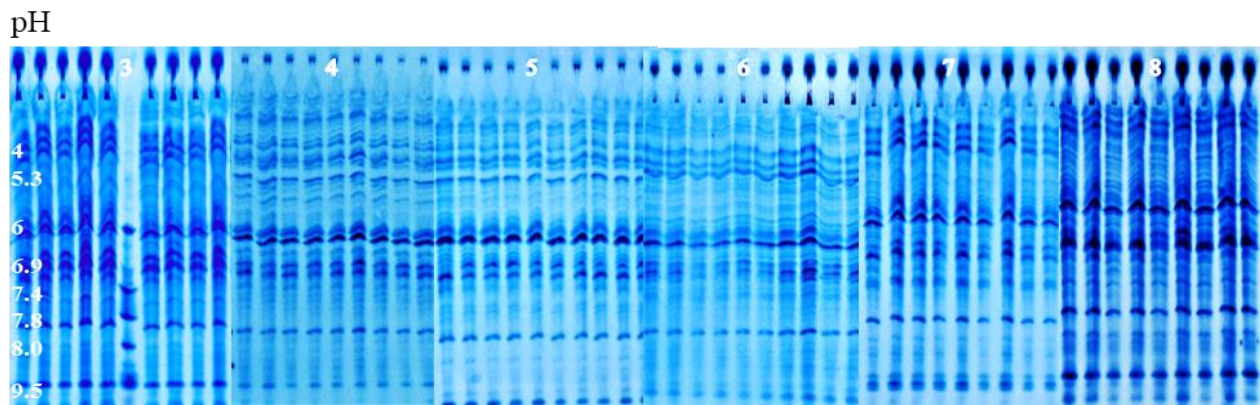
Seme kukuruza sadrži oko 10% proteina, a 70 % od ukupnog sadržaja su rezervni proteini (Flint-Garcia i sar., 2009). Klasifikacija rezervnih proteina semena je izvršena na osnovu njihove rastvorljivosti: albumini (rastvorljivi u vodi), prolamini u rastvorima alkohola, globulini se rastvaraju u blagim rastvorima soli, a glutelini u rastvorima baza ili kiselina (Osborne i sar., 1914). Prema standardnoj ISTA proceduri za ispitivanje semena kukuruza koriste se albumini i prolamini (ISTA, 2012.).

UTLIEF metoda se rutinski koristi u Institutu za Kukuruz za utvrđivanje stepena uniformnosti/homozigotnosti inbred linija kukuruza. Set od 15 inbred linija ispitivanih u ovom istraživanju je analizirano UTLIEF metodom da bi se procenila njihova genetička uniformnost, kako zbog njihovog potencijalnog daljeg umnožavanja i primene u selekciji hibrida, tako i zbog poređenja efektivnosti fenotipskih, biohemijskih i molekularnih markera u oceni uniformnosti/homozigotnosti genotipova kukuruza.

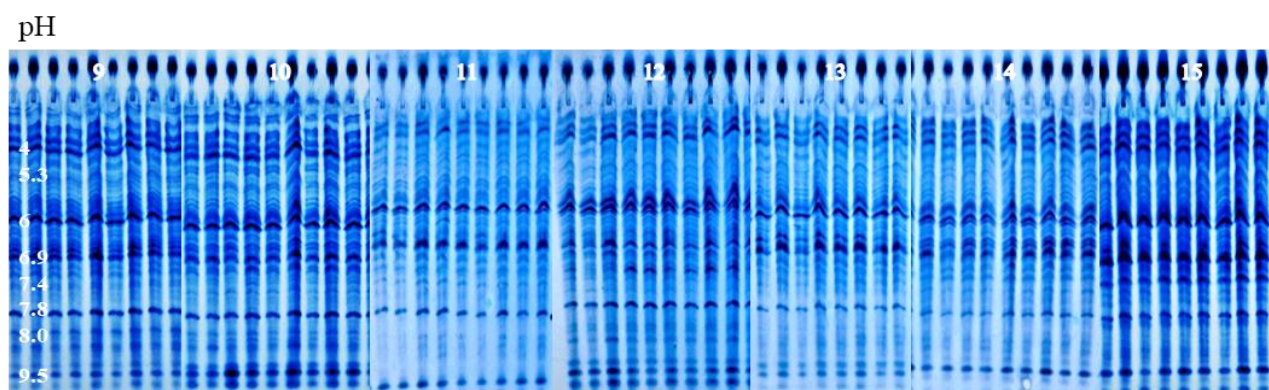
Analizom elektroforegrama albumina, dobijenih primenom UTLIEF metode, za ispitivane inbred linije G3–G15 potvrđena je njihova genetička uniformnost/homozigotnost (Slike 4 i 5). Broj jasno izraženih proteinskih traka identifikovanih kod navedenih inbred linija je iznosio najmanje 14 (G14

i G15) do 29 kod G10. Fokusiranje različitih molekula proteina u izoelektričnim tačkama na različitim pH vrednostima ukazuje na genetički diverzitet ispitivanih linija.

Prema instrukcijama iz ISTA Priručnika za elektroforetsko ispitivanje sorti (ISTA, 1992), kao i literaturi (Tu i sar. 2012.), ocenjivano je samo prisustvo / odsustvo proteinskih traka, a ne variranje u njihovom intenzitetu. Naveden je razlog zbog kojeg elektroforegrami prolamina svih ispitivanih linija nisu prikazani, a rezultati ocene homozigotnosti su zasnovani na proteinskim profilima albumina.

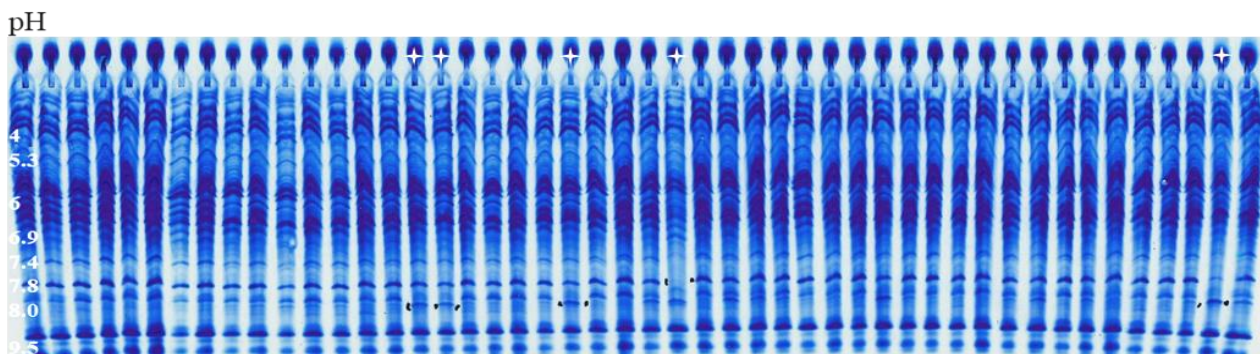


Slika 4. Delovi UTLIEF profila albumina semena ispitivanih inbred linija G3 do G15.



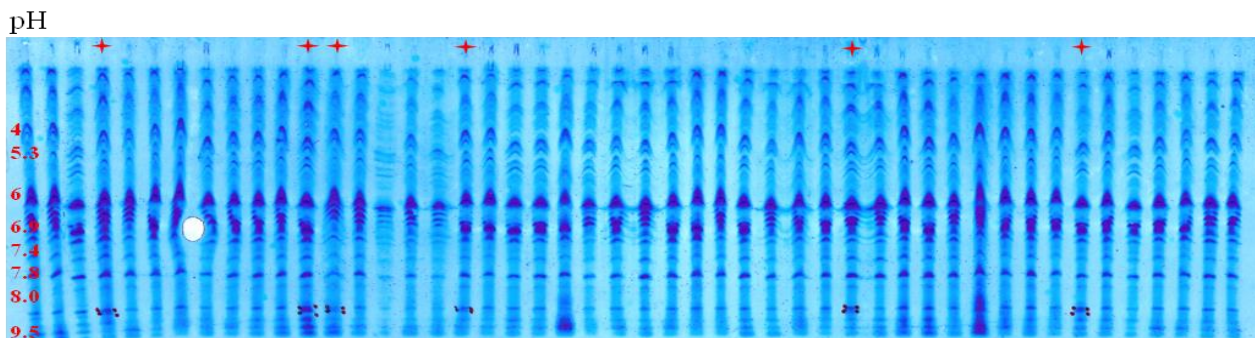
Slika 5. Delovi UTLIEF profila albumina semena ispitivanih inbred linija G3 do G15.

Analizom elektroforegrama inbred linija G1 i G2 utvrđeno je da nisu u potpunosti homozigotne. Albumini semena linije G1, razdvojili su se na jasno vidljivih 20 traka (Slika 6.). Razlike između proteinskih profila navedene linije identifikovane su kod 10 pojedinačnih od 100 ispitivanih semena (90% homozigotnosti). Atipične proteinske trake su utvrđene pri vrednostima pH 7.8 i pH 8.



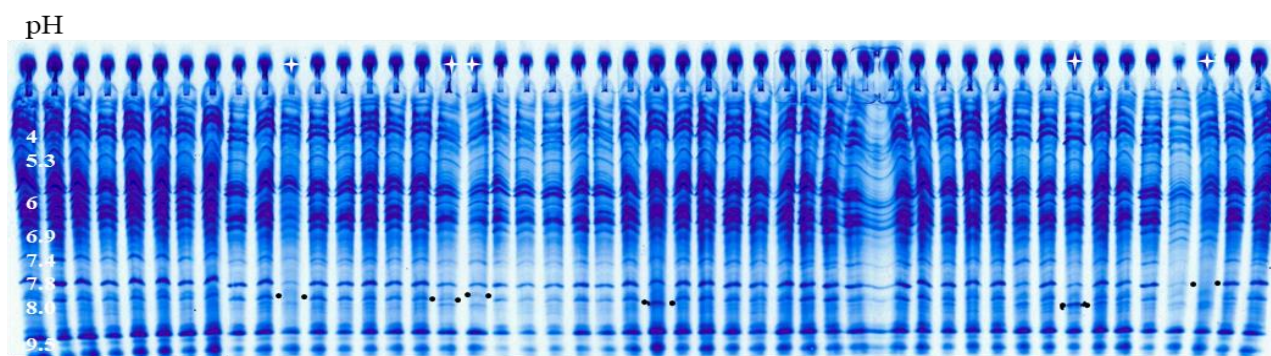
Slika 6. Deo UTLIEF profila albumina semena inbred linije G1. Krstićima su obeleženi profili kod kojih je utvrđeno prisustvo atipičnih i/ili odsustvo tipičnih traka.

Na Slici 7. prikazan je deo rezultata elektroforeze prolamina semena inbred linije G1. Identifikovano je ukupno 17 proteinskih traka po izolatu. Odstupanja od genotipa mogli su biti jasno uočeni samo u prisustvu atipične trake fokusirane na pH između 8.0 i 9.5. Ocenjeno je da 6 od 100 analiziranih semena nije tipično za liniju G1 (homozigotnost 94%).

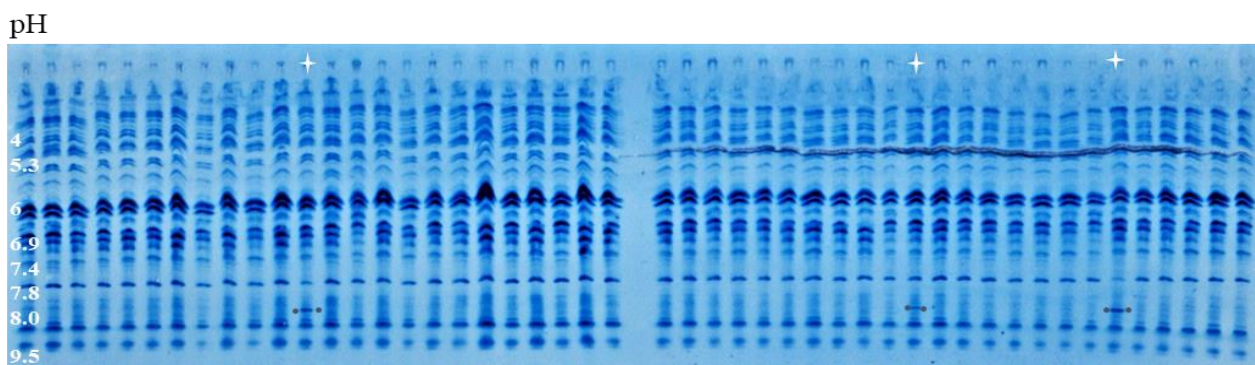


Slika 7. Deo UTLIEF profila prolamina semena inbred linije G1. Krstićima su obeleženi profili kod kojih je utvrđeno prisustvo atipičnih traka.

Analizom rezultata elektroforeze albumina semena, kod G2 je utvrđen viši nivo homozigotnosti (94%) u odnosu na G1 (90%). Dok je ispitivanje prolamina semena iste linije (G2) utvrđen stepen homozigotnosti od 97%, i albuminska i prolaminska frakcija semena G2 su se razdvojile na gelovima u 14 proteiskih traka (Slike 8 i 9). Pošto smo se vodili instrukcijama da se ocenjuje samo prisustvo / odsustvo traka, a ne razlika u njihovom intenzitetu, rezultati analize albuminske frakcije su smatrani pouzdanijim.



Slika 8. Deo UTLIEF profila albumina semena inbred linije G2. Krstićima su obeleženi profili kod kojih je utvrđeno prisustvo atipičnih i/ili odsustvo tipičnih traka.



Slika 9. Deo UTLIEF profila prolamina semena inbred linije G2. Krstićima su obeleženi profili kod kojih je utvrđeno prisustvo atipičnih i/ili odsustvo tipičnih traka.

Inbred linije kod kojih se utvrdi više od 5% heterozigotnosti se ne smatraju genetički čistim. Prisustvo preko 5% heterozigotnosti može biti posledica genetičke kontaminacije ili nedovoljnog broja ciklusa inbridinga koji rezultiraju nedovoljno genetički fiksiranom inbred linijom (Gowda et al., 2017; Josia et al., 2021). O primeni UTLIEF metode u analizama uniformnosti/homozigotnosti roditeljskih komponenata (inbred linija) hibrida nema navoda u literaturi, istraživanja su se svodila na njihovu identifikaciju i ispitivanja genetičke čistoće hibrida kukuruza. Rezultati ovih istraživanja pokazuju da se primenom UTLIEF metode u ispitivanju homozigotnosti može dobiti brz i pouzdan uvid u genetičku čistoću roditeljskih komponenti hibrida kukuruza.

6.2.3. Procena genetičke uniformnosti SSR markerima

Procena genetičke uniformnosti inbred linija i potvrda identiteta hibrida kukuruza kroz “roditelj-potomstvo” test je osnovni preduslov za uspešnu proizvodnju i plasiranje komercijalnog hibridnog semena na tržište (Josia i sar., 2021).

Glavni nedostatak morfoloških markera predstavlja fenotipska procena, dok genetička pozadina ostaje nepoznata. Veći broj osobina su kvantitativne prirode i podložne uticaju faktora spoljašne sredine, stoga SSR markeri omogućavaju direktnu analizu većeg dela genoma, prevazilazeći neke od nedostataka morfoloških i biohemijskih markera. Oni su visokopolimorfni i vrlo informativni markeri, na koje spoljašnja sredina nema uticaj, što je od velike važnosti za brzu procenu genetičke uniformnosti roditeljskih komponenata i njihovog rezultujućeg hibrida. SSR marker su se pokazali posebno korisnim kao pomoćni alat oplemenjivačima i genetičarima za povezivanje fenotipske i genotipske varijacije, zbog ko-dominantnog obrasca nasleđivanja, visokog nivoa polimorfizma, multialelne prirode, reproduktivnosti i sposobnosti detekcije polimorfizma u blisko srodnim linijama (Geti i sar., 2002; Barcaccia i sar., 2006; Hamblin i sar., 2007; Vieira i sar., 2016).

Upotreba SSR markera za procenu genetičke uniformnosti je već testirana kod kukuruza sa različitim setovima markera (Saldago i sar., 2006; Vasile i sar., 2022). U radovima gde su testirani hibridi i roditeljske komponente elektroforegrami su pokazali alele prisutne u roditeljskim komponentama i u hibridu, čime je potvrđeno pravo poreklo i heterozigotno stanje hibrida i time se pokazali korisnim u testiranju genetičke uniformnosti (Chaudhary i sar., 2018; Kovinčić i sar., 2023).

U cilju procene nivoa homozigotnosti 15 inbred linija kukuruza primenjen je set od osam SSR markera prepisanih od strane ISTA za verifikaciju genotipova kukuruza. U prvoj fazi markeri su testirani na odabranim genotipovima radi optimizacije PCR reakcije i utvrđivanja polimorfnosti datog seta prajmera. Svi prajmeri amplifikovali su jasne elektroforegrame i pokazali polimorfizam između testiranih inbred linija, koji predstavlja prisustvo različitih alelskih varijanti na posmatranim lokusima. Dobijena relativna veličina alela (*bp*) za sve SSR markere je prikazana u tabeli 18. Ukupan broj amplifikovanih alela bio je 33, dok je prosečan broj alela iznosio 4,13. Najmanji broj alela (tri) dobijen je sa markerima *phi* 083 i *phi* 015, dok je najveći broj alela iznosio pet (*phi* 109275, *umc* 1448 i *umc* 1545) (Tabela 18). Set korišćenih SSR lokusa, kao i analizirani materijal reflektuju SSR polimorfizam koji se ogleda u različitim vrednostima prosečnog broja alela po lokusu.

SSR marker sa trinukleotidnim ili ponavljajućim motivima od više nukleotida su manje polimorfni od dinukleotidnih motiva i detektuju manji broj alela (Vigouroux i sar., 2005). Takođe, više analiziranih genotipova povećava mogućnost pronalaženja različitih alela. U odnosu na dobijene rezultate, nešto niža vrednost prosečnog broja alela po SSR lokusu (2,6; 2,57; 2,7) dobijena je i u radovima: Badu i sar. (2013), Akinwale i sar. (2014), Kamara i sar. (2020). Dok je veći broj alela po lokusu zabeležen je u radovima: Xia i sar. (2005) 7,2 gde je korišćeno 79 SSR markera na 116 linija, kao i u radu Vathana i sar. (2019) gde je detektovano 10,12 alela po lokusu kod 68 linija analiziranih sa 50 SSR markera. U radu Vasile i sar. (2022) gde je analizirano 13 inbred linija sa setom markera koji je korišćen u ovoj disertaciji, najveći broj alela (pet) je dobijen sa prajmerom *phi* 015, dok su samo dva alela amplifikovana sa prajmerima *phi* 109275 i *umc* 1061.

PIC vrednost kod korišćenih markera pokazale su visoke vrednosti koje su se kretale od 0,43 (*phi* 083) do 0,80 (*umc* 1448), sa prosečnom vrednošću od 0,68 (Tabela 18), što ukazuje na visoke alelne varijacije lokusa kao i njihovu distribuciju kod analiziranih linija. Činjenica da je više od polovine

markera imalo vrednost PIC-a $\geq 0,70$ što govori o njihovoj visokoj informativnosti. Ista srednja vrednost je dobijena u radu Adu i sar. (2019) i neznatno viša 0,69 u radu Mathiang i sar. (2022). Niža prosečna PIC vrednost dobijena je u radovima Thakur i sar. (2017) i Kumar i sar. (2012), i iznosila je 0,43 i 0,55, respektivno. Viša prosečna PIC vrednost od 0,72 dobijena je u radu Cömertpay i sar. (2012) kod 37 Turskih populacija kukuruza, sa 27 SSR markera. Kako su svi markeri pokazali da je PIC vrednost bila iznad 0,4, može se zaključiti da je set preporučenih markera od strane ISTA bio visokoinformativan, tako da se mogu smatrati pogodnim za razlikovanje genotipovi procenu homozigotnosti.

Od ukupnog broja ispitivanih genotipova, kod tri linije detektovani su jedinstveni aleli: kod G3 sa lokusom *umc* 109275 detektovan je alel od približno 141 bp, kod G14 sa lokusom *umc* 1448 uočen je alel od približno 161 bp i kod G11 sa lokusom *umc* 1545 dobijen je alel od približno 76 bp.

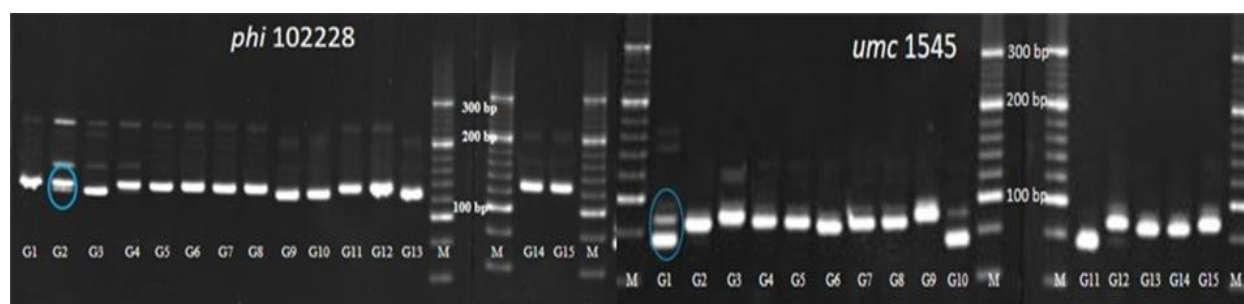
Prisustvo jedinstvenih alela značajno je za identifikaciju određenog genotipa u analizama srodstva i porekla ispitivanog materijala. Nekada su ovi aleli povezani sa jasno definisanim odlikama nekog genotipa, tako da mogu imati značaj u oplemenjivanju, kao što su alelne varijante *opaque2* i *crtRB1* gena (Kostadinović i sar., 2024).

Takođe, dva SSR markera (*phi* 102228 i *umc* 1545) su detektovala potencijalnu heterozigotnost kod dve ispitivane linije (G1 i G2) (Slika 10). Prajmer *umc* 1545 se već pokazao efikasnim u ispitivanje genetičke čistoće dve roditeljske komponente i jednog ekperimentalnog hibrida (Kovinčić i sar., 2023).

Tabela 18. Spisak SSR markera, veličina alela, broj alela po markeru

SSR markeri	Veličina alela (bp)	Broj alela
<i>phi</i> 109275	123-141	5
<i>phi</i> 083	127-133	3
<i>umc</i> 1448	148-161	5
<i>phi</i> 102228	124-137	4
<i>umc</i> 1117	135-149	4
<i>umc</i> 1545	76-91	5
<i>phi</i> 015	95-105	3
<i>umc</i> 1061	104-114	4
Srednja vrednost		4,13

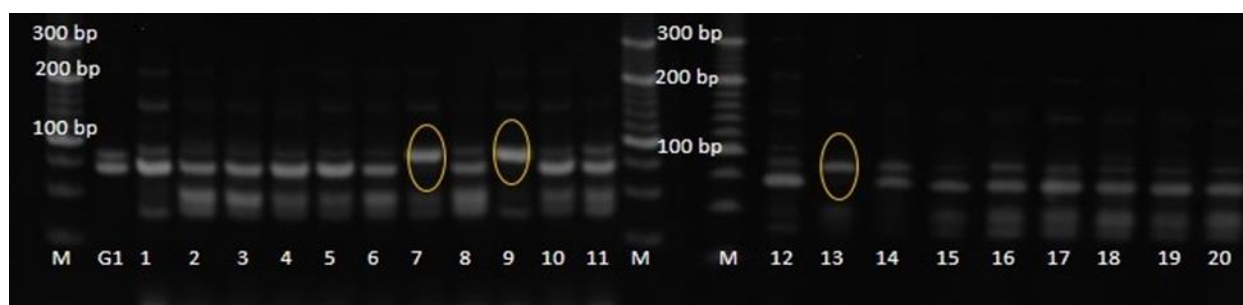
Naime, vizuelnom ocenom elektroforegrama kod ove dve linije uočena su dva alela, što je ukazivalo na potencijalnu heterzigotnost, i to kod linije G2 sa praajmerom *phi* 102228, tj. kod linije G1 sa praajmerom *umc* 1545.



Slika 10. Elektroforegrami za praajmere *phi* 102228 i *umc* 1545 ispitivanih inbred linija. Redosled uzoraka s leva na desno: M – 20 bp DNK marker, linije od G1 do G15

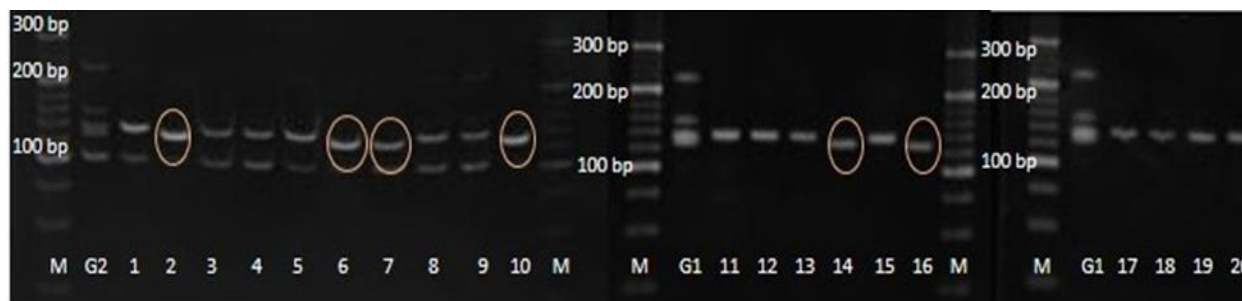
Radi utvrđivanja eventualnog odstupanja od uniformnosti kod ove dve linije urađene su dodatne analize na 20 pojedinačnih biljaka (semena) sa pomenutim markerima. Na elektroforegramu za liniju G1 (Slika 11) takođe, su detektovana dva različita alela u pojedinačnim uzorcima, što ukazuje da ova

linija nije genetički uniformna tj. homozigotna. Od 20 analiziranih biljaka uočene su tri atipične biljke, odnosno 15 % heterozigotnosti.



Slika 11. Elektroforegram za prajmer *umc* 1545 pojedinačnih uzoraka linije G1. Redosled uzoraka s leva na desno: M – 20 bp DNK marker, pojedinačni uzorci od 1 do 20

Kod linije G2 (Slika 12) broj atipičnih biljaka sa prajmerom *phi* 102228 iznosio je šest, što predstavlja 30 % heterozigotnosti.



Slika 12. Elektroforegram za prajmer *phi* 102228 pojedinačnih uzoraka linije G2. Redosled uzoraka s leva na desno: M – 20 bp DNK marker, pojedinačni uzorci od 1 do 20

Trenutno, većina oplemenjivačkih programa smatra S4 ili kasnije generacije kao fiksnu inbred liniju sa fiksiranom homozigotnošću i kao komponente u hibridnim kombinacijama. Homozigotnim ili fiksirani linijama se smatraju linije u kojima udeo heterozigotnih SSR lokusa ne prelazi 5% (Semagn i sar., 2012). Nasuprot tome, inbred linije sa više od 5% heterogenih SSR lokusa smatraju se ili nefiksiranim (tj. rana generacija inbridinga) ili su verovatno bile kontaminirane polenom ili semenom drugog izvora tokom umnožavanja semena, održavanja i skladištenja (Warburton i sar., 2010). Za sve inbred linije koje pokazuju heterozigotnost između 5 i 15 % neophodno je uraditi dodatnu samooplodnju klip na red, dok je one koje pokazuju nivo heterozigotnosti veći od 15% potrebno ili odbaciti ili ponovo pristupiti ekstenzivnoj selekciji (Gowda i sar., 2017).

Samo dva markera *phi* 102228 i *umc* 1545, koja su pokazala heterozigotni profil kod dve inbred linije, potvrdili su ujedno da samo jedan ko-dominantni marker je dovoljan da se u proceni genetička homozigotnost linija. Dobijeni rezultati su potvrdili da jedan ko-dominantni marker je dovoljan da se razaznaju lažni hibridi u proceni čistoće (Li i sar., 2017). Stoga bi navedeni prajmeri mogli da se preporuče kao dobri kandidati za identifikaciju genetičke uniformnosti i homozigotnosti. Rezultati dobijeni u ovom radu mogu biti od značaja u proizvodnji semena, a posebno u odabiru optimalnih SSR markera za procenu genetičke uniformnosti inbred linija.

Takođe, rezultati ove disertacije su potvrdili efikasnost SSR markera i generalno konzistentnost sa rezultatima morfoloških karakteristika u polju. Pokazano je i da prajmeri prepisani od strane ISTA mogu da se koriste za rutinsko proveravanje genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza. Naročito su značajni markeri koji su testiranjem pojedinačnih semena identifikovali linije sa prisustvom atipičnih alela. Informacije o SSR markerima dobijene u ovoj disertaciji biće od pomoći u stvaranju komercijalnog semena hibrida kukuruza i proceni genetičke uniformnosti.

VII

ZAKLJUČAK

Na osnovu trogodišnjeg istraživanja agro-morfoloških osobina 15 inbred linija kukuruza sejanih u dva roka i dve gustine setve, mogu se izvesti sledeći zaključci:

Četvorofaktorijalna analiza varijanse (ANOVA) je pokazala da su izvori variranja (genotip, godina, gustina, rok i njihove interakcije) bili statistički značajni za najveći broj analiziranih osobina.

Visina biljke do vrha metlice analiziranih genotipova kretala se u intervalu od 153,8 cm (kod linije G3), praćene linijama G13 i G8 do 212,9 cm (kod linije G11), praćene linijama G10 i G15. Visina klipa kretala se u intervalu od 44,8 cm (linija G8) do 86,3 cm (linija G11).

Prosečna širina lista primarnog klipa kretala se u intervalu od 7,4 (kod linije G6) do 9,6 cm (kod linije G11), a dužina od 66,2 cm (linija G3) do 80,0 cm (linija G15). Broj listova od primarnog klipa do vrha biljke analiziranih genotipova kretao se u intervalu od 4,7 (kod linije G7) do 7,9 (linija G5).

Analizom morfologije metlice inbred linija utvrđena je najmanja prosečna dužina glavne ose metlice od najniže i najviše bočne grane metlice za genotip G5 (22,7 cm i 13,8 cm), a najveća za liniju G1 (38,9 cm i 31,6 cm). Dužina bočnih grana metlice kretala se u intervalu od 6,8 cm (kod linije G5) do 18,6 cm (linija G10), a broj primarnih grana metlice u intervalu od 4,2 (linija G1) do 15,3 (linija G13).

Prve godine koja je po temperaturi, količini i rasporedu padavina bila približna trećoj godini istraživanja, većina genotipova je imala manje promene za visinu biljke i veće promene za visinu klipa. Druge (sušne) godine sve linije su imale prosečno manju visinu biljke, a većina u intervalu od 20,0 do 30,0% i prosečno manju visinu klipa u intervalu od 5,0 do 22,0%.

Prve godine sve linije ranije grupe zrenja imale prosečno veću dužinu i širinu lista dok se broj listova od klipa do vrha biljke kod većine linija nije značajnije menjao. Nepovoljni agro-meteorološki uslovi u toku vegetacionog perioda druge godine (2017.) uticali su na značajnije redukovanje dužine i broja listova i na povećanje širine lista kod većine inbred linija.

Većina genotipova prve godine nije imala značajne promene za dužinu osa metlice. Druge godine većina genotipova je imala prosečno kraće ose metlice. Dužina bočnih grana metlice prve godine je kod većine linija bila prosečno veća od 5,0 do 21,3%, dok su druge godine sve linije imale prosečno manju dužinu ovog parametra. Broj primarnih grana metlice prve godine se kod većine linija kretao u intervalu od -25,0% do +23,0% dok je druge godine bio prosečno veći kod većine linija u intervalu od 12,0 do 40,2%.

Prve godine za većinu morfoloških osobina manje promene su utvrđene kod inbred linija FAO 600–700 grupe zrenja (linije G10–G15), a veće promene kod linija FAO 400–500 grupe zrenja (linije G5–G8). Nasuprot ovome, druge godine istraživanja manje promene imale su linije G5, G6 i G8 (FAO 400–500), a veće promene linije G10, G14 i G15 (FAO 600–700) grupe zrenja.

Činjenica da testirane inbred linije pripadaju različitim grupama zrenja FAO 300–700, da su različitog genetičkog porekla i da su gajene u tri meteorološki različite godine u dva roka i dve gustine setve, rezultirala je značajnim razlikama u analiziranom prinosu i komponentama prinosa.

Na osnovu trogodišnjeg proseka, najmanju dužinu klipa imale su linije G13 i G5 (11,7 cm i 11,9 cm) respektivno, a najveću (16,4 cm) linije G6 i G11, praćene linijama G1 i G12. Većina linija imala je dužinu klipa od 13,0 do 15,0 cm.

Najmanji prečnik klipa imala je linija G1 (3,24 cm), a najmanji prečnik koćanke linija G6 (1,91 cm). Najveći prečnik klipa (4,03 cm) i prečnik koćanke od 2,33 cm imala je linija G5, dok su ostale linije imale prečnik klipa od 3,3 do 3,9 cm, a prečnik koćanke oko 2,0 cm.

Najmanji broj redova zrna (11,80) imala je linija G12, a najveći (18,67) linija G5, dok je većina linija imala od 13,00 do 15,00 redova zrna.

Najmanji broj zrna u redu (18,75), imala je linija G13. Linija G12 koja je imala najmanji broj redova zrna imala je najveći broj zrna u redu (28,01), dok je većina linija imala od 22,00 do 24,00 zrna u redu.

Širina zrna se kretala od 0,513 cm izmerena kod linije G13 do maksimalnih 0,704 cm izmerenih kod linije G11. Većina linija imala je širinu zrna oko 0,60 cm.

Dužina zrna bila je najveća (0,879 cm) kod linije G5, dok je ostatak linija imao dužinu zrna oko 0,70 cm.

Najmanju debljinu zrna (0,238 cm) imala je linija G8, a najveću linija G9 (0,429 cm). Većina linija imala je debljinu zrna oko 0,300 cm.

Najmanja masa 100 zrna (18,70 g) izmerena je kod linije G13 praćena linijom G15. Masa 100 zrna bila je najveća (29,64 g) kod linije G4, zatim (27,28 g) kod linije G1 i 26,08 g kod linije G12, dok je većina linija imala masu oko 25,00 g.

Najmanji prosečan prinos po biljci (36,68 g) imala je linija G13, a zatim linije G14 i G9. Prinos je bio najveći (74,21 g) kod linije G5, zatim kod linije G1 (71,36 g) praćene linijama G7 i G8. Prinos ostalih genotipova kretao se u intervalu od 51,0 do 65,0 g.

Većina inbred linija kukuruza najviši prinos ostvarila je treće godine istraživanja (2018.).

Rezultati istraživanja ukazuju da su prve godine svi genotipovi imali prosečno veće vrednosti za prečnik koćanke, 12 linija za broj redova zrna, dok je većina linija imala prosečno manje vrednosti za prinos i sve druge komponente prinosa. Druge godine prosečno manje vrednosti za prinos i broj zrna u redu imale su sve linije, dok je većina linija imala prosečno manje vrednosti za sve druge analizirane komponente prinosa.

Prve godine minimalne razlike za većinu komponenata prinosa imale su linije G11 i G9 (FAO 600), a maksimalne linije G5–G8 (FAO 400–500). Druge godine, linije G1, G2, G5 i G8 (FAO 300–500) imale su minimalne razlike za većinu komponenata prinosa, a maksimalne linije G9, G11 i G14 (FAO 600–700).

Većina genotipova prve godine je imala manji prinos u intervalu od 11,0 do 34,2%, a druge godine u intervalu od 30,0 do 58,8% u odnosu na treću godinu istraživanja.

Najviši prinos većina inbred linija je ostvarila u uslovima ređe setve u prvom setvenom roku (prve i treće) i u drugom setvenom roku (druge) godine istraživanja.

Najpovoljniji ASI bio je treće godine, a najmanje povoljan druge godine istraživanja. U prvoj godini broj dana od metličenja do svilanja se kretao u intervalu od 1,8 (kod linije G1), do 5,3 dana (genotipovi G13 i G15). Druge godine linija G1 je takođe imala najmanju vrednost za ASI, (1 dan), a najveći (5,5 dana) imale su linije G9 i G12 respektivno. Treće godine ASI se kretao od -1,5 (kod linije G2), do 3,3 dana (kod linije G4). Najkraći ASI treće godine istraživanja rezultirao je najvećim ostvarenim prinosom po biljci kod 12 genotipova.

Na osnovu *per se* performanse posebno su se izdvojili genotipovi G5 i G8 za koje je ranije potvrđeno da su dobrih kombinacionih sposobnosti.

Za faktore godina i genotip, analizom glavnih komponenata (PCA) je utvrđeno da su se osobine rast biljke, osobine metlice i karakteristike zrna pokazale najdiskriminativnijim u proceni varijabilnosti evaluiranih inbred linija kukuruza.

Primenom AMMI modela, analiza varijanse predstavljena po roku setve (R1 i R2), je pokazala da su svi izvori variranja (genotip, tretman – gustina setve, godina, kao i njihova interakcija) značajno uticali na prinos zrna ($p < 0,01$). U prvom setvenom roku na obe gustine, najbolju performansu u pogledu stabilnosti i visine prinosa koji je premašivao opšti prosek, izdvojili su se genotipovi G5 i G6 (FAO 400), kao i G8 (FAO 500). U drugom setvenom roku po istom kriterijumu izdvojila se linija G12 (FAO 600). Navedeni genotipovi se mogu smatrati pogodnim za gajenje u širem agro-ekološkom arealu.

Utvrđeno je da je faktor godina uticao na korelisanost i statističku značajnost fenotipskih osobina.

Genetičkim markerima utvrđeno je odstupanje od uniformnosti inbred linija G1 i G2.

Na osnovu fenotipske procene uniformnosti vizuelnim ocenjenjivanjem primenom *Off-type* pristupa osobine koje su se pokazale efikasnim za procenu uniformnosti bile su: (antocijanska obojenost - antera, svile, vazdušnih korenova i koćanke), zatim tip zrna i boja zrna u osnovi.

Potvrđena je efikasnost SSR markera i generalno konzistentnost sa rezultatima morfoloških i proteinskih markera. Samo dva markera *phi* 102228 i *umc* 1545 od ukupno osam, koja su pokazala heterozigotni profil kod dve inbred linije, potvrdili su ujedno da je samo jedan ko-dominantni marker

dovoljan za procenu genetičke homozigotnost linija. Pokazano je i da prajmeri prepisani od strane ISTA za verifikaciju genotipova mogu da se koriste za rutinsko proveravanje genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza. Naročito su značajni markeri koji su testiranjem pojedinačnih semena identifikovali linije sa prisustvom atipičnih alela. Informacije o SSR markerima dobijene u ovoj disertaciji biće od pomoći u stvaranju komercijalnog semena hibrida kukuruza i proceni genetičke uniformnosti.

VIII

LITERATURA

- Abdel-Moneam, M. A., Sultan, M. S., Khalil, A. M., El-Awady, H. E. (2024): Heterosis and Combining Abilities for Certain Maize Inbreds and their F1 Crosses Relating to Quality Traits, Yield, and its Components. *Journal of Plant Production*, 15(5): 225–233. doi: [10.21608/jpp.2024.283524.1330](https://doi.org/10.21608/jpp.2024.283524.1330).
- Abendroth, L. J., Woli, K. P., Myers, A. J. W., Elmore, R. W. (2017): Yield-based corn planting date recommendation windows for Iowa. *Crop, Forage & Turfgrass Management*, 3(1): 1–7. doi: [10.2134/cftm2017.02.0015](https://doi.org/10.2134/cftm2017.02.0015).
- Abuzar, M. R., Sadozai, G. U., Baloch, M. S., Baloch, A. A., Shah, I. H., Javaid, T., Hussain, N. (2011): Effect of plant population densities on yield of maize. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 21(4): 692–695.
- Adu, G. B., Awuku, F. J., Amegbor, I. K., Haruna, A., Manigben, K. A., Aboyadana, P. A. (2019): Genetic characterization and population structure of maize populations using SSR markers. *Annals of Agricultural Sciences*, 64(1): 47–54. doi: [10.1016/j.aoas.2019.05.006](https://doi.org/10.1016/j.aoas.2019.05.006).
- Adu, G. B., Badu-Apraku, B., Akromah, R. (2021): Strategies for Selecting Early Maturing Maize Inbred Lines for Hybrid Production under Low Soil Nitrogen and Striga Infestation. *Agronomy*, 11(7): 1309. doi: [10.3390/agronomy11071309](https://doi.org/10.3390/agronomy11071309).
- Akbar, F., Yousaf, N., Rabbani, M. A., Shinwari, Z. K., Masood, M. S. (2012): Study of total seed proteins pattern of sesame (*Sesamum indicum* L.) landraces via sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE). *Pakistan Journal of Botany*, 44(6): 2009–2014.
- Akinwale, R., Badu-Apraku, B., Fakorede, M., Vroh-Bi, I. (2014): Heterotic grouping of tropical early-maturing maize inbred lines based on combining ability in *Striga*-infested and *Striga*-free environments and the use of SSR markers for genotyping. *Field Crops Research*, 156: 48–62. doi: [10.1016/j.fcr.2013.10.015](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.10.015).
- Aksyonov, I. V. (2005): Protein markers specificity of sunflower inbred lines. *Helia*, 28(43): 49–54. doi: [10.2298/HEL0543049A](https://doi.org/10.2298/HEL0543049A).
- Alam, M. A., Seetharam, K., Zaidi, P. H., Dinesh, A., Vinayan, M. T., Nath, U. K. (2017): Dissecting heat stress tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.). *Field Crops Research*, 204: 110–119. doi: [10.1016/j.fcr.2017.01.006](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.01.006).
- Ali, F., Ahsan, M., Ali, Q., Kanwal, N. (2017): Phenotypic stability of *Zea mays* grain yield and its attributing traits under drought stress. *Frontiers in Plant Science*, 8: 1397. doi: [10.3389/fpls.2017.01397](https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01397).
- Ali, N. A., El Hosary, A. A., Salwaa, M. I., El-Badawy, M. El., Gad, K. (2022): Genotype - Environment Interaction for Grain Yield In Wheat. *Annals of Agricultural Science*, Moshtohor 60(4): 1035–1044. doi: [10.21608/assjm.2022.275849](https://doi.org/10.21608/assjm.2022.275849).
- Al-Naggar, A., Shabana, R. A., Atta, M. M., Al-Khalil, T. H., Al-Naggar, A. M. M., (2015): Maize response to elevated plant density combined with lowered N-fertilizer rate is genotype-dependent. *The Crop Journal*, 3(2): 96–109. doi: [10.1016/j.cj.2015.01.002](https://doi.org/10.1016/j.cj.2015.01.002).
- Al-Naggar, A. M. M., Shafik, M. M., Musa, R. Y. M., Younis, A. S. M., Anany, A. H. (2020): Genetic diversity based on morphological traits of 19 maize genotypes using principal component analysis and GT biplot. *Annual Research & Review in Biology*, 35(2): 68–85. doi: [10.9734/arrb/2020/v35i230191](https://doi.org/10.9734/arrb/2020/v35i230191).
- Al-Naggar, A. M., Soliman, A. M., Hussien, M. H., Hussien, M. H., Mohamed, A. M. H. (2022): Genetic diversity of maize inbred lines based on morphological traits and its association with heterosis. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 54(3): 589–597. doi: [10.54910/sabao2022.54.3.11](https://doi.org/10.54910/sabao2022.54.3.11).

- Al-Samarai, F. R., Al-Kazaz, A. A. (2015): Molecular Markers: an Introduction and Applications. European Journal of Molecular Biotechnology, 9(3): 118–130. doi:[10.13187/ejmb.2015.9.118](https://doi.org/10.13187/ejmb.2015.9.118).
- Anderson, E. (1944): Homologies of the Ear and Tassel in Zea Mays. Annals of the Missouri Botanical Garden, 31(4): 325–340+342–343. <https://doi.org/10.2307/2394367>.
- Anshori, M. F., Purwoko, B. S., Dewi, I. S., Suwarno, W. B., Ardie, S. W. (2022): Salinity tolerance selection of double-haploid rice lines based on selection index and factor analysis. AIMS Agric Food, 7 (3): 520–535. doi: [10.3934/agrfood.2022032](https://doi.org/10.3934/agrfood.2022032).
- Anjali, C., Sanjay, C. (2012): Genetic diversity estimation of maize cultivars based on protein profiles in different conditions. Indian Journal of Agricultural Biochemistry, 25: 52–56
- Anjum, S. A., Ashraf, U., Tanveer, M., Khan, I., Hussain, S., Shahzad, B., Zohaib, A., Abbas F., Saleem, M. F., Ali, I., Wang, L. C. (2017): Drought Induced Changes in Growth, Osmolyte Accumulation and Antioxidant Metabolism of Three Maize Hybrids. Frontiers in Plant Science, 8: 69. doi: [10.3389/fpls.2017.00069](https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00069).
- Ashutosh, T., Tripathi, D. K., Chauhan, D. K., Niraj, K., Singh, G. S. (2016): Paradigms of climate change impacts on some major food sources of the world: a review on current knowledge and future prospects. Agriculture, Ecosystems & Environment, 216: 356–373. doi:[10.1016/J.AGEE.2015.09.034](https://doi.org/10.1016/J.AGEE.2015.09.034).
- Aslam, M., Maqbool, M. A., Cengiz, R., (2015): Drought Stress in Maize (*Zea Mays* L.) Effects, Resistance Mechanisms, Global Achievements.; Springer International Publishing: Cham, Switzerland: 5–17. doi:[10.1007/978-3-319-25442-5](https://doi.org/10.1007/978-3-319-25442-5).
- Assefa, Y., Carter, P., Hinds, M., Bhalla, G., Schon, R., Jeschke, M., Paszkiewicz, S., Smith, S., Ciampitti, I. A. (2018): Analysis of long term study indicates both agronomic optimal plant density and increase maize yield per plant contributed to yield gain. Scientific Reports 8: 4937. doi:[10.1038/s41598-018-23362-x](https://doi.org/10.1038/s41598-018-23362-x).
- Assefa, Y., Prasad, P. V. V., Carter, P., Hinds, M., Bhalla, G., Schon, R., Jeschke, M., Paszkiewicz, S., Ciampitti, I. A. (2017): A New Insight into Corn Yield: Trends from 1987 through 2015. Crop Science, 57(5): 2799–2811. doi: [10.2135/cropsci2017.01.0066](https://doi.org/10.2135/cropsci2017.01.0066).
- Azrai, M., Efendi, R., Muliadi, A., Aqil M., Suwarti, N. A., Zainuddin, B., Syam, A., Junaedi, Syah, U. T., Demail, A., Marwiyah, S., Suwarno, W. B. (2022): Genotype by Environment Interaction on Tropical Maize Hybrids Under Normal Irrigation and Waterlogging. Frontiers in Sustainable Food Systems. 6: 913211. doi: [10.3389/fsufs.2022.913211](https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.913211).
- Babić, V., Kravić, N., Srdić, J. (2017): Uticaj temperature i dužine čuvanja polena kukuruza na procenat oplodnje. Selekcija i semenarstvo 23(2): 15–21. doi: [10.5937/SelSem1702015B](https://doi.org/10.5937/SelSem1702015B).
- Babić, V., Marković, K., Kravić, N., Babić, M., Srdić, J., Petrović, T. (2022): Assessment of one maize hybrid lot uniformity by UPOV morphological and protein markers. Selekcija i semenarstvo, 28(1): 23–33. doi: [10.5937/SelSem2201023B](https://doi.org/10.5937/SelSem2201023B)
- Babić, V., Nikolić, A., Anđelković, V., Kovačević, D., Filipović, M., Mladenović Drinić, S., Vasić V. (2016): UPOV morphological versus molecular markers for maize inbred lines variability determination. Chilean Journal of Agricultural Research, 76(4): 417–426. doi: [10.4067/S0718-58392016000400004](https://doi.org/10.4067/S0718-58392016000400004).
- Babić, V., Pavlov, M., Boćanski, J. (2016): Stanje i perspektive u oplemenjivačkom i semenarskom sektoru Srbije. [Status and perspective of plant breeding and seed industry in Serbia]. Selekcija i semenarstvo/Plant breeding and seed production, 22(2): 19–27. doi: [10.5937/selsem1602019B](https://doi.org/10.5937/selsem1602019B).
- Babić, V., Srdić, J., Babić, M., Delić, N. (2007): Some problems and outliers in the phenotypic characterization of maize genotypes in compliance with the principles of the UPOV descriptors. International scientific conference Plant genetic stocks-The basis of agriculture of today, 13-14 June 2007, IPGR, Sadovo, Bulgaria. Conference proceedings: 59–62.
- Babić, M., Babić, V., Prodanović, S., Filipović, M., Anđelković, V. (2012): Comparison of morphological and molecular genetic distances of maize inbreds. Genetika, 44(1): 119–128. doi: [10.2298/GENSR1201119B](https://doi.org/10.2298/GENSR1201119B).

- Badu-Apraku, B., Oyekunle, M., Fakorede, M. A. B., Vroh, I., Akinwale, R. O., Aderounmu, M. (2013): Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. *Euphytica*, 192: 413–433. doi: [10.1007/s10681-013-0876-4](https://doi.org/10.1007/s10681-013-0876-4)
- Baker, R. F. (1984): Some of the open-pollinated varieties that contributed the most to modern hybrid corn. In J.W. Dudley (ed.) *Proc. 20th Annu. Illinois Corn Breeders School.*, Urbana, IL. 3–5 Mar. 1984. University of Illinois, Urbana: 1–20.
- Barcaccia, G., Pallottini L., Parrini P., Lucchin M. (2006): A genetic linkage map of a flint maize (*Zea mays* var. *Indurata* L.) Italian landraces using one way pseudo-test cross strategy and multilocus PCR based markers. *Maydica*, 51: 469–480.
- Beadle, G. W. (1939): Teosinte and the origin of maize. *Journal of Heredity*, 30(6): 245–247. doi: [10.1093/oxfordjournals.jhered.a104728](https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a104728).
- Becker, H. C. (1981): Correlations among some Statistical Measures of Phenotypic Stability. *Euphytica*, 30: 835–840. doi: [10.1007/BF00038812](https://doi.org/10.1007/BF00038812)
- Begna, T. (2022): Application of Genotype by Environmental Interaction in Crop Plant Enhancement. *International Journal of Research Studies in Agricultural Sciences*, 8(2): 1–12. doi: [10.20431/2454-6224.0802001](https://doi.org/10.20431/2454-6224.0802001).
- Beiragi, M. A., Khorasani, S. K., Shojaei, S. H., Dadresan, M., Mostafavi, K., Golbashy, M., (2011): A study on effects of planting dates on growth and yield of 18 corn hybrids (*Zea mays* L.). *American Journal of Experimental Agriculture*, 1(3): 110–120. doi: [10.9734/AJEA/2011/339](https://doi.org/10.9734/AJEA/2011/339).
- Bekele, W. A., Wight, C. P., Chao, S., Howarth, C., Tinker, N. A. (2018): Haplotype based genotyping-by-sequencing in oat genome research. *Plant Biotechnology Journal*, 16(8): 1452–1463. doi: [10.1111/pbi.12888](https://doi.org/10.1111/pbi.12888).
- Bekrić, V. (1997): Upotreba kukuruza. Institut za kukuruz „Zemun Polje“, Beograd – Zemun.
- Bernardo, R. (2001): What if we knew all the genes for a quantitative trait in hybrid crops? *Crop Science*, 41: 1–4. doi: [10.2135/cropsci2001.4111](https://doi.org/10.2135/cropsci2001.4111).
- Bernardo, R. (2008): Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. *Crop Science*, 48(5): 1649–1664. doi: [10.2135/cropsci2008.03.0131](https://doi.org/10.2135/cropsci2008.03.0131).
- Bernet. G. P., Bramardi. S., Calvache. D., Carbonell. E. A., Asins. M. J. (2003): Applicability of molecular markers in the context of protection of new varieties of cucumber. *Plant Breeding*, 122: 146–152. doi: [10.1046/j.1439-0523.2003.00838.x](https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2003.00838.x).
- Bertolini, M., Bianchi, A., Lupotto, E., Salamini, F., Verderio, A., Motto, M. (1998): Maize. In: Scarascia Mugnozza G.T. and Pagnotta M.A. (eds), *Italian Contribution to Plant Genetics and Breeding*. Tipolit. Quatrini A. & F. Publisher, Viterbo, Italy: 209–229.
- Betrán, F. J., Beck, D., Bänziger, M., Edmeades, G. O. (2003): Secondary traits in parental inbreds and hybrids under stress and non-stress environments in tropical maize. *Field Crops Research*, 83 (1): 51–65. doi: [10.1016/S0378-4290\(03\)00061-3](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00061-3).
- Beulah, G., Marker, S., Rajasekhar, D. (2018): Assessment of quantitative genetic variability and character association in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(1): 2813–2816.
- Bharathi, P., Ravikesavan, R., Yuvaraja, A., Boopathi, N. M., Iyanar, K. (2021): Genetic variability and correlation in maize inbred lines under irrigated and moisture stress condition. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 12(3): 928–933. doi: [10.37992/2021.1203.128](https://doi.org/10.37992/2021.1203.128).
- Bheemanahalli, R., Ramamoorthy, P., Poudel, S., Samiappan, S., Wijewardane, N., Reddy, K. R. (2022): Effects of drought and heat stresses during reproductive stage on pollen germination, yield, and leaf reflectance properties in maize (*Zea mays* L.). *Plant Direct*, 6(8): e434. doi: [10.1002/pld3.434](https://doi.org/10.1002/pld3.434).
- Bhutto, S. A., Wang, X., Wang, J. (2019): The start and end of the growing season in Pakistan during 1982–2015. *Environmental Earth Sciences*, 78(5): 133. doi: [10.1007/s12665-019-8135-1](https://doi.org/10.1007/s12665-019-8135-1).
- Bianco, L., Cestaro, A., Linsmith, G., Muranty, H., Denance, C., Theron, A., Poncet C., Micheletti, D., Kerschbamer, E., Pierro, E. A. D., Larger S, Pindo M., Weg E. V., Davassi A., Laurens

- F., Velasco R., Durel C. E., Troggio M. (2016): Development and validation of the Axiom® Apple480K SNP genotyping array. *The Plant Journal*, 86(1): 62–74. doi: [10.1111/tpj.13145](https://doi.org/10.1111/tpj.13145).
- Bocianowski, J., Nowosad, K., Rejek, D. (2024): Genotype-environment interaction for grain yield in maize (*Zea mays* L.) using the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model. *Journal of Applied Genetics*, 65: 653–664. doi: [10.1007/s13353-024-00899-4](https://doi.org/10.1007/s13353-024-00899-4).
- Bódi, Z., Pepó, P., Kovács, A. (2008): Morphology of Tassel Components and Their Relationship to Some Quantitative Features in Maize. *Cereal Research Communications*, 36(2): 353–360. doi: [10.1556/CRC.36.2008.2.15](https://doi.org/10.1556/CRC.36.2008.2.15).
- Bohra, A., Jha, R., Pandey, G., Patil, P. G., Saxena, R. K., Singh, I. P., Singh, D., Mishra, R. K., Mishra, A., Singh, F., Varshney, R. K., Singh, N. P. (2017): New hypervariable SSR markers for diversity analysis, hybrid purity testing and trait mapping in Pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh] *Frontiers in Plant Science*, 8: 377. doi: [10.3389/fpls.2017.00377](https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00377).
- Boćanski, J., Srećkov, Z., Nastasić, A. (2004): Genetic analysis of length and width of maize kernels (*Zea mays* L.). *Annals of Scientific Work*, 28 (1): 182–190.
- Boćanski, J. (1995): Genetička i fenotipska međuzavisnost morfoloških osobina i žetvenog indeksa kod BSSS populacija kukuruza (*Zea mays* L.). Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- Boćanski, J., Srećkov, Z., Nastić, A. (2009): Genetic and phenotypic relationship between grain yield and components of grain yield of maize (*Zea mays* L.). *Genetika*, 41(2): 145–154. doi: [10.2298/GENSR0902145B](https://doi.org/10.2298/GENSR0902145B).
- Brandolini, A. G. (1970): Maize. In: Frankel O.H. and Bennett E. (eds), *Genetic Resources in Plants. Their Exploration and Conservation*. Blackwell Scientific Publications: 273–309.
- Branković-Radojčić, D., Babić, V., Girek, Z., Živanović, T., Radojčić, A., Filipović, M., Srdić, J. (2018): Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. *Genetika* 50(3): 1067–1080. doi: [10.2298/GENSR1803067B](https://doi.org/10.2298/GENSR1803067B).
- Brewbaker, J. L. (2015): Diversity and genetics of Tassel branch numbers in maize. *Crop Science*, 55(1): 65–78. doi: [10.2135/cropsci2014.03.0248](https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0248).
- Bustos-Korts, D., Romagosa, I., Borràs-Geloch, G., Casas, A. M., Slafer, G. A., van Eeuwijk, F. (2018): Genotype by Environment Interaction and Adaptation. *Encyclopedia of Sustainability Science and Technology*. Springer Science and Business Media, LLC: Berlin/Heidelberg, Germany: 29–71. Doi: [10.1007/978-1-4939-8621-7_199](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8621-7_199).
- Campuzano-Duque, L. F., Bejarano-Garavito, D., Castillo-Sierra, J., Torres-Cuesta, D. R., Cortés, A. J., Blair, M. W. (2022): SNP Genotyping for Purity Assessment of a Forage Oat (*Avena sativa* L.) Variety from Colombia. *Agronomy*, 12(7): 1710. doi: [10.3390/agronomy12071710](https://doi.org/10.3390/agronomy12071710).
- Camus-Kulandaivelu, L., Veyrieras, J. B., Madur, D., Combes, V., Fourmann, M., Barraud, S., Dubreuil, P., Gouesnard, B., Manicacci, D., Charcosset, A. (2006): Maize adaptation to temperate climate: relationship between population structure and polymorphism in the Dwarf gene. *Genetics*, 172(4): 2449–2463. doi: [10.1534/genetics.105.048603](https://doi.org/10.1534/genetics.105.048603).
- Cao, X., Lu, H., Zhao, Z., Lian, Y., Chen, H., Yu, M., Wang, F., Sun, H., Ding, D., Zhang, X., Chen, X., Tang, J. (2024): Mining Candidate Genes for Maize Tassel Spindle Length Based on a Genome-Wide Association Analysis. *Genes*, 15(11): 1413. doi: [10.3390/genes15111413](https://doi.org/10.3390/genes15111413).
- Carović, K. S., Šalinović, A., Grdiša, M., Liber, Z., Kolak, I., Satovic, Z. (2011): Efficiency of morphological trait descriptors in discrimination of *Ocimum basilicum* L. accessions. *Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology*, 145 (2): 298–305.
- Cavender-Bares, J., Pahlich, A. (2009): Molecular, morphological, and ecological niche differentiation of sympatric sister oak species, *Quercus virginiana* and *Q. geminata* (Fagaceae). *American journal of botany*, 96(9): 1690–1702. doi: [10.3732/ajb.0800315](https://doi.org/10.3732/ajb.0800315).
- Cerović, R., Pajić, Z., Filipović, M., Fotirić-Akšić, M., Radičević, S., Nikolić, D., Djordjević, M. (2014): Pollen germination and pollen tube growth in ZP maize lines. *Genetika*, 46 (3): 935–948.

- Chaudhary, S., Yashveer, S., Dinesh, Raj Prajapati, D., Kharb, P., Chand Kamboj, M. (2018): Utilization of SSR Markers for Seed Purity Testing in Popular Maize Hybrids. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(4): 1117–1126. doi: [10.20546/ijcmas.2018.704.122](https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.704.122).
- Chen, Y., Zhou, Q., Tian, R., Ma, Z., Zhao, X., Tang, J., Fu, Z. (2018). Proteomic analysis reveals that auxin homeostasis influences the eighth internode length heterosis in maize (*Zea mays* L.). *Scientific Reports*.-UK, 8(1): 7159. doi: [10.1038/s41598-018-23874-6](https://doi.org/10.1038/s41598-018-23874-6).
- Chen, J., Zhang, L., Liu, S., Li, Z., Huang R., Li Y., Cheng, H., Li, X., Zhou, B., Wu, S., Chen, W., Wu, J., Ding, J. (2016): The Genetic Basis of Natural Variation in Kernel Size and Related Traits Using a Four-Way Cross Population in Maize. *PLoS One*, 11(4): e0153428. doi: [10.1371/journal.pone.0153428](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153428).
- Cheng, Y. T., Li, R. F., Wang, K. R., Xie, R. Z., Hou, P., Ming, B., Xue, J., Zhang, G. Q., Liu, G. Z., Li, S. K. (2021): Creation and thinking of China's spring maize high-yield record *Journal of Maize Science*, 29: 56–59.
- Chesnokon, Y., Kosolapov, V., Savchenko, I. V. (2020): Morphological Genetic Markers in Plants. *Russian Journal of Genetics*, 56(12): 1406–1415. doi: [10.1134/S1022795420120042](https://doi.org/10.1134/S1022795420120042).
- Chipeta, M. M., Yohane, E. N., Kafwambira, J., Tamba, M., Colial, H. (2024): Evaluation and identification of high yielding and stable cowpea genotypes using GGE biplot and joint regression analysis for varietal development in East and Southern Africa. *Journal of Agriculture and Food Research*, 18: 101456. doi: [10.1016/j.jafr.2024.101456](https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101456).
- Chayanonti, Q. N., Jenweerawat, S., Chaugool, J., Tudsri, S., Chaisan, T., Chotchutima, S. (2021): Plant Spacing and Variety of Field Corn (*Zea mays* L.) Affecting Yield, Yield Components and Silage. *Walailak Journal of Science and Technology*, 18(6): 9038. doi: [10.48048/wjst.2021.9038](https://doi.org/10.48048/wjst.2021.9038).
- Collard, B. C. Y., Jahufer, M. Z. Z., Brouwer, J. B., Pang, E. C. K. (2005): An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica*, 142: 169–196. [10.1007/s10681-005-1681-5](https://doi.org/10.1007/s10681-005-1681-5).
- Cook, J. P., McMullen, M. D., Holland, J. B., Tian, F., Bradbury, P., Ross-Ibarra, J., Buckler E. S., Flint-Garcia S. A. (2012): Genetic architecture of maize kernel composition in the nested association mapping and inbred association panels. *Plant Physiology*, 158(2): 824–834. doi: [10.1104/pp.111.185033](https://doi.org/10.1104/pp.111.185033).
- Cui, M., Jia, B., Liu, H., Kan, X., Zhang, Y., Zhou, R., Li, Z., Yang, L., Deng, D., Yin, Z. (2017): Genetic Mapping of the Leaf Number above the Primary Ear and Its Relationship with Plant Height and Flowering Time in Maize. *Frontiers in Plant Science*, 18(8): 1437 doi: [10.3389/fpls.2017.01437](https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01437).
- Cyplik, A., Sobiech, A., Tomkowiak, A., Bocianowski, J. (2022): Genetic Parameters for Selected Traits of Inbred Lines of Maize (*Zea mays* L.). *Applied Sciences*, 12(14): 6961. doi: [10.3390/app12146961](https://doi.org/10.3390/app12146961).
- Cömertpay, G., Baloch, F.S., Kilian, B., Ülger, A.C., Özkan, H. (2012): Diversity Assessment of Turkish Maize Landraces Based on Fluorescent Labelled SSR Markers. *Plant Mol. Biol. Rep.*;30:261–274. doi: [10.1007/s11105-011-0332-3](https://doi.org/10.1007/s11105-011-0332-3).
- Čamdžija, Z. (2014): Kombinacione sposobnosti za prinos zrna i agronomska svojstva ZP inbred linija kukuruza. Doktorska disertacija. Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet: 1–137.
- Daniel, I. O., Adetumbi, J. A., Oyelakin, O. O., Olakojo, S. A., Ajala, M. O., Onagbesan, S. O., (2012): Application of SSR Markers for Genetic Purity Analysis of Parental Inbred Lines and Some Commercial Hybrid Maize (*Zea mays* L.). *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 2(4): 597–606. doi: [10.9734/AJEA/2012/1579](https://doi.org/10.9734/AJEA/2012/1579).
- Dari, S., Macrobert, J., Ontong, A. M., Labuschagne, M., (2017): Effect of the fewbranched-1 (Fbr1) tassel mutation on performance of maize inbred lines and hybrids evaluated under stress and optimum environments. *Maydica*, 62(2): 1–10.

- Daryanto, S., Wang, L., Jacinthe, P. A. (2016): Global synthesis of drought effects on maize and wheat production. PLoS ONE, 11: e0156362. doi: [10.1371/journal.pone.0156362](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156362).
- DeBruin, J. L., Schussler, J. F., Mo, H., Cooper, M. (2017): Grain yield and nitrogen accumulation in maize hybrids released during 1934 to 2013 in the US Midwest. Crop Science, 57: 1431–1446. doi: [10.2135/cropsci2016.08.0704](https://doi.org/10.2135/cropsci2016.08.0704).
- De Geus, Y. N., Goggi, S., Pollak, L. M. (2008): Seed quality of high protein corn lines in low input and conventional farming systems. Agronomy for Sustainable Development, 541-550. doi: [10.1051/agro:2008023](https://doi.org/10.1051/agro:2008023).
- Deines, J. M., Patel, R., Liang, S. Z., Dado, W., Lobell, D. B. (2021): A million kernels of truth: Insights into scalable satellite maize yield mapping and yield gap analysis from an extensive ground dataset in the US corn belt. Remote Sensing of Environment, 253: 112174. doi: [10.1016/j.rse.2020.112174](https://doi.org/10.1016/j.rse.2020.112174).
- Devasree, S., Ganesan, K. N., Ravikesavan, R., Senthil, N., Paranidharan, V. (2020): Relationship between yield and its component traits for enhancing grain yield in single cross hybrids of maize (*Zea mays* L.). Electronic Journal of Plant Breeding, 11(3): 796–802. doi: [10.37992/2020.1103.131](https://doi.org/10.37992/2020.1103.131).
- Dhatt, B. K., Abshire, N., Paul, P., Hasanthika, K., Sandhu, J., Zhang, Q., Obata, T., Walia, H. (2019): Metabolic Dynamics of Developing Rice Seeds Under High Night-Time Temperature Stress. Frontiers in Plant Science, 10: 1443. doi: [10.3389/fpls.2019.01443](https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01443).
- Dhongade, P., Kanwade, D. G., Gawande, V. V., Rathod, T. H. (2022): Growth parameters, Biochemical and yield characterisation of maize inbred lines. Plant Science Archives, 7(1). doi: [10.51470/PSA.2022.7.1.04](https://doi.org/10.51470/PSA.2022.7.1.04).
- Dinesh, A., Patil, A., Zaidi, P. H., Kuchanur, P. H., Kaliyamoorthy, S. (2016): “Dissection of heat tolerance mechanism in tropical maize. Research on Crops, 17(3): 462–467. doi: [10.5958/2348-7542.2016.00076.0](https://doi.org/10.5958/2348-7542.2016.00076.0).
- Djaman, K., Allen, S., Djaman, D. S., Koudahe, K., Irmak, S., Puppla, N., Darapuneni, M. K., Angadi, S.V. (2022): Planting date and plant density effects on maize growth, yield and water use efficiency. Environmental Challenges, 6(1): 100417. doi: [10.1016/j.envc.2021.100417](https://doi.org/10.1016/j.envc.2021.100417).
- Dong, M., Zhao, J., Li, E., Liu, Z., Guo, S., Zhang, Z., Cui, W., Yang, X. (2023): Effects of Changing Climate Extremes on Maize Grain Yield in Northeast China. Agronomy, 13(4): 1050.
- Du, X., Wang, Z., Lei, W., Kong, L. (2021): Increased planting density combined with reduced nitrogen rate to achieve high yield in maize. Scientific Reports 11: 358. doi: [10.1038/s41598-020-79633-z](https://doi.org/10.1038/s41598-020-79633-z).
- Dube, S. P., Sibiya, J., Kutu, F. (2023): Genetic diversity and population structure of maize inbred lines using phenotypic traits and single nucleotide polymorphism (SNP) markers. Scientific Reports, 13(1): 17851. doi: [10.1038/s41598-023-44961-3](https://doi.org/10.1038/s41598-023-44961-3).
- Durodola, O. S., Mourad, K. A. (2020): Modelling Maize Yield and Water Requirements under Different Climate Change Scenarios. Climate, 8(11): 127. doi: [10.3390/cli8110127](https://doi.org/10.3390/cli8110127).
- Duvick, D. N. (2005): The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). Advances in Agronomy, 86: 83–145. doi: [10.1016/S0065-2113\(05\)86002-X](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(05)86002-X).
- Đoković, J., Munćan, M., Paunović, T. (2019): Forecasting maize in the Republic of Serbia by using box-jenkins methodology. Economics of . Agriculture, 66(2): 525–540. doi: doi.org/10.5937/ekoPolj1902525D.
- Đurić, N., Kresović, B., Glamočlija, Đ. (2015): Sistemi konvencionalne i organske proizvodnje ratarskih useva. Monografija, Institut PKB Agroekonomik
- Edmeades, G. O., Bolanos, J., Elings, A., Ribaut, J. M., Banziger, M., Westgate, M. E. (2000): “The role and regulation of the anthesis-silking interval in maize,” Physiology and Modeling Kernel Set in Maize“ In: Westgate, M. E. and Boote, K. J., Eds., Physiology and Modeling Kernel Set in Maize, CSSA Special Publication, Wisconsin, 29: 43–73. doi: [10.2135/cssaspecpub29.c4](https://doi.org/10.2135/cssaspecpub29.c4).

- Edreira, J. I. R., Carpici, E. B., Sammarro, D., Otegui, M. E. (2011): "Heat stress effects around flowering on kernel set of temperate and tropical maize hybrids. *Field Crops Research*, 123(2): 62–73. DOI: [10.3389/fgene.2021.728166](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.728166).
- Eeuwijk, F. (2006): Genotype by Environment Interaction-Basics and Beyond. Chapter 11, in: *Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium*, Blackwell Publishing Ltd, editors Lamkey K., Lee M., 155–170.
- El-Soda, M., Malosetti, M., Zwaan, B. J., Koornneef, M., Aarts, M. G. (2014): Genotype $\times$ environment interaction QTL mapping in plants: lessons from Arabidopsis. *Trends in Plant Science*, 19(6): 390–398. doi: [10.1016/j.tplants.2014.01.001](https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.01.001).
- Engida, B. T., Wegary, D., Keno, T., Mekonnen, T. W. (2024): Combining ability and genetic distance analysis of mid altitude sub-humid agroecology adapted maize inbred lines for high grain yield. *Heliyon*, 10(11): e32267 doi: [10.1016/j.heliyon.2024.e32267](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e32267).
- Esan, V. I., Oke, G. O., Ogunbode, T. O., Obisesan, I. A. (2023): AMMI and GGE biplot analyses of Bambara groundnut AMMI and GGE biplot analyses of Bambara groundnut [*Vigna subterranea* (L.) Verdc.] for agronomic performances under three environmental conditions. *Frontiers in Plant Science*, 13: 997429. doi: [10.3389/fpls.2022.997429](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.997429).
- Ezin, V., Kpanougo, C. M. I., Ahanchede, A. (2022): Genetic diversity and environmental influence on morphological and yield parameters of maize in Benin. *Heliyon*, 8(6): e09670. doi: [10.1016/j.heliyon.2022.e09670](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09670).
- Fahad, S., Hasanuzzaman, M., Mukhtar, A., Ullah, H., Saeed, M., Khan, B. A., Adnan, M. (2020): *Environment, climate, plant and vegetation growth*. New York, NY: Springer. doi: [10.1007/978-3-030-49732-3](https://doi.org/10.1007/978-3-030-49732-3).
- Fahad, S., Bajwa, A. A., Nazir, U., Anjum, S. A., Farooq, A., Zohaib, A., Sadia, S., Nasim, W., Adkins, S., Saud, S. (2017): Crop production under drought and heat stress: Plant responses and management options. *Frontiers in Plant Science*, 8: 1147. doi: [10.3389/fpls.2017.01147](https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01147).
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. (1996): *Introduction to quantitative genetics*. 4th Edition. Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
- Falconer, D. S. (1960): *Introduction to Quantitative Genetics*. Third Ed. R. MacLehose and Co Ltd., Glasgow. The Ronald Press Co. New York.
- Fan, P. P., Li, Y. Y., Evers, J. B., Ming, B., Wang, C. X., Li, S. K., Xie, R. Z. (2020): A new empirical equation to describe the vertical leaf distribution profile of maize. *The Journal of Agricultural Science*, 158(8–9): 676–686. doi: [0.1017/S0021859621000010](https://doi.org/10.1017/S0021859621000010).
- Fan, P. P., Li, Y. Y., Evers, J. B., Ming, B., Wang, C. X., Li, S. K., Xie, R. Z. (2021): A new empirical equation to describe the vertical leaf distribution profile of maize. *The Journal of Agricultural Science*, 158(8–9): 1–11 doi: [10.1017/S0021859621000010](https://doi.org/10.1017/S0021859621000010).
- FAOStat (2021). FAO Statistic. FAO, Rome. <http://www.fao.org/faostat>.
- Faria, S. V., Zuffo, L. T., Rezende, W. M., Caixeta, D. G., Pereira, H. D., Azevedo, C. F., DeLima, R. O. (2022): Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. *BMC Genomics*, 23: 54. doi: [10.1186/s12864-021-08127-7](https://doi.org/10.1186/s12864-021-08127-7).
- Fayed, E. A., Lelah, A. A. A., Mostafa, E-S. E. I., Morgan, S. F. (2019): Morphological identification and evaluate the combining ability and heterosis of some inbred lines of maize and its crosses. *Zagazig Journal of Agricultural Research*, 46(6): 2145–2157. doi: [10.21608/zjar.2019.65068](https://doi.org/10.21608/zjar.2019.65068).
- Feng, L. Y., Raza, M. A., Chen, Y., Khalid, M. H. B., Meraj, T. A., Ahsan, F., Du, J., Wu, X., Song, C., Liu, C., Bawa, G., Zhang, Z., Yuan, S., Yang, Y. W. (2019): Narrow-wide row planting pattern improves the light environment and seed yields of intercrop species in relay intercropping system. *PLoS One*, 14(2): e0212885 [10.1371/journal.pone.0212885](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212885).
- Filipović, M., Jovanović, Ž., Tolimir, M. (2015): Pravci selekcije novih ZP hibrida. *Zbornik radova XX Savetovanja o biotehnologiji sa međunarodnim učešćem*, 13-14. mart, Čačak,: 7–15.
- Fimlay, K. W., Wilkinson, G. M. (1963): The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14: 743–754. doi: [10.1071/AR9630742](https://doi.org/10.1071/AR9630742).

- Fischer, R. A., Byerlee, D., Edmeades, G. O. (2014): Crop Yields and Global Food Security: Will Yield Increase Continue to Feed the World? Canberra: Australian Centre for International Agricultural Research. Monograph, 158: 1–634.
- Flint-Garcia, S. A., Bodnar, A. L., Scott, M. P. (2009): Wide variability in kernel composition, seed characteristics, and zein profiles among diverse maize inbreds, landraces, and teosinte. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6): 1129–1142. doi: [10.1007/s00122-009-1115-1](https://doi.org/10.1007/s00122-009-1115-1).
- Fu, R., Wang, X. (2023): Modeling the influence of phenotypic plasticity on maize hybrid performance. *Plant Communications*, 4(3): 100548. doi: [10.1016/j.xplc.2023.100548](https://doi.org/10.1016/j.xplc.2023.100548).
- Gabaldón-Leal, C., Webber, H., Otegui, M. E., Slafer, G. A., Ordóñez, R. A., Gaiser, T., Lorite, I. J., Ruiz-Ramos, M., Ewert, F. (2016): Modelling the impact of heat stress on maize yield formation. *Field Crops Research*, 198: 226–237. doi: [10.1016/j.fcr.2016.08.013](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2016.08.013).
- Gage, J. L., Miller, N. D., Spalding, E. P., Kaeppler, S. M., Leon, N. (2017): A system for automated image-based phenotyping of maize tassels. *Plant Methods*, 13: 21. doi: [10.1186/s13007-017-0172-8](https://doi.org/10.1186/s13007-017-0172-8).
- Galović, V., Mladenović-Drinić, S., Navalusić, J., Zlokolica, M. (2006): Characterization methods and fingerprinting of agronomical important crop species. *Genetika*, 38(2): 83–96. doi: [10.2298/GENSR0602083G](https://doi.org/10.2298/GENSR0602083G).
- García-Chávez, I., Meraz-Romero, E., Castelán-Ortega, O., Zaragoza-Esparza, J., Avalos, J. O., Jiménez, L. E. R., González-Ronquillo, M. (2022): Corn silage, a systematic review of the quality and yield in different regions around the world. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 23(3): e2547. doi: [10.21930/rcta.vol23_num3_art:2547](https://doi.org/10.21930/rcta.vol23_num3_art:2547).
- Gauthier, P., Gouesnard, B., Dallard, J., Redaelli, R., Rebourg, C., Charcosset, A., Bouat, A. (2002): RFLP diversity and relationships among traditional European maize population. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(1): 91–99. doi: [10.1007/s00122-002-0903-7](https://doi.org/10.1007/s00122-002-0903-7).
- Gazal, A., Nehvi, F. A., Lone, A. A., Dar, Z. A. (2018): Morphological and molecular characterization of maize inbred lines showing variability for drought tolerance. *Genetics and Molecular Research*, 17(2): gmr16039903. doi: [10.4238/gmr16039903](https://doi.org/10.4238/gmr16039903).
- Gethi, J. G., Labate, J. A.; Lamkey, K. R.; Smith, M. E., Kresovich, S. (2002): SSR variation in important U.S. maize inbred lines. *Crop Science*, 42 (3): 951–957. doi: [10.2135/cropsci2002.0951](https://doi.org/10.2135/cropsci2002.0951)
- Ghețe, A. B., Haș, V., Copândeian, A., Vidican, R., Suci, L., Vârban, D. I., Muntean, S., Biro-Janka, B., Duda, M. M. (2021): Influence of plant densities on seed production in some parental inbred lines of Turda maize hybrids. *Romanian Agricultural Research*, 38: 163–171 doi: [10.59665/rar3818](https://doi.org/10.59665/rar3818)
- Glamočlija, Đ. (2012): Posebno ratarstvo, žita i zrne mahunarke. Poljoprivredni fakultet, Beograd: str. 19-37.
- Glamočlija, Đ., Prijić, L.J. (2004): Gajenje kukuruza i soje. Monografija. Izdavačka kuća Draganić. Beograd.
- Gong, L. S., Qu, S., Huang, G., Guo, Y., Zhang, M., Li, Z., Zhou, Y., Duan, L. (2021): Improving maize grain yield by formulating plant growth regulator strategies in North China. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(2): 622–632. doi: [10.1016/S2095-3119\(20\)63453-0](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63453-0).
- González, G. M., Cellini, F., Fotopoulos, V., Balestrini, R., Arbona, V. (2022): New Approaches to Improve Crop Tolerance to Biotic and Abiotic Stresses. *Physiologia Plantarum*, 174(1): e13547. doi: [10.1111/ppl.13547](https://doi.org/10.1111/ppl.13547).
- Gopalakrishna, K. N., Hugar, R., Rajashekar, M. K., Jayant, S. B., Talekar, S. C., Virupaxi, P. C. (2023): Simulated drought stress unravels differential response and different mechanisms of drought tolerance in newly developed tropical field corn inbreds. *PLoS One*, 18(3): e0283528. doi: [10.1371/journal.pone.0283528](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0283528).
- Gou, L., Xue, J., Qi, B., Ma, B., Zhang, W. F. (2017): Morphological variation of maize cultivars in response to elevated plant densities. *Agronomy* 109(4): 1443–1453. doi: [10.2134/agronj2016.11.0675](https://doi.org/10.2134/agronj2016.11.0675).

- Gowda, M., Worku, M., Nair, S. K., Palacios-Rojas, N., Prasanna, B. M. (2017): Quality Assurance/Quality Control (QA/QC) in Maize Breeding and Seed Production. Theory and Practice. Hamblin, M.T.; Warburton, M.L.; Buckler, E.S. (2007): Empirical comparison of simple sequence repeats and single nucleotide polymorphisms in assessment of maize diversity and relatedness. PLoS ONE, 2: e1367.
- Gunjača, J. (2001): Interakcija genotip $\times$ okolina u nebalansiranim serijama pokusa. Doktorska disertacija. Sveučilište u Zagrebu.
- Gupta, D, Khandelwal, V. (2022): Principal component analysis for yield and its attributing characters of pearl millet (*Pennisetum glaucum* [L.] R.Br.). Annals of Plant and Soil Research, 24(3): 408–414. doi: [10.47815/apsr.2022.10184](https://doi.org/10.47815/apsr.2022.10184).
- Gyenes-Hegyí, Z., Pók, I., Kizmus, L., Zsubori, Z., Nagy, E., Marton, L. C. (2005): Plant height and height of the main ear in maize (*Zea Mays* L.) at different locations and different plant densities. Acta Agronomica Hungarica, 50(1): 75–84. doi: [10.1556/AAgr.50.2002.1.9](https://doi.org/10.1556/AAgr.50.2002.1.9).
- Haarhoff, S. J., Swanepoel, P. A. (2019): Narrow rows and high maize plant population improve water use and grain yield under conservation agriculture. Agronomy Journal, 112: 921–931. doi: [10.1002/agj2.20085](https://doi.org/10.1002/agj2.20085).
- Hadživuković, S. (1991): Statistički metodi. Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- Hahn, H., Schöberlein, W. (1999): Identification of *Festuca pratensis* varieties by sodium dodecylsulphate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) and ultrathin-layer isoelectric focusing (UTLIEF). Seed Science and Technology, 27(2): 559–578
- Haegel, J. W., Becker, R. J., Henninger, A. S., Below, F. E. (2014): Row arrangement, phosphorus fertility, and hybrid contributions to managing increased plant density of maize. Agronomy Journal, 106(5): 1838–1846. doi: [10.2134/agronj2013.0382](https://doi.org/10.2134/agronj2013.0382).
- Hallauer, A. R. (2009): “Corn Breeding”, Iowa State University Research and Demonstration Farms Progress Reports 2008 (1).
- Hamid, A. M. A., Dagash, Y. M. I., Ali, S. O. Y., Farah, G. A. (2022): Effects of Sowing Methods and Intra-Row Spacing on Grain Yield and Some Agronomic Characters of Maize (*Zea mays*). American International Journal of Contemporary Research, 12 (1): 10–20. doi: [10.30845/aijcr.v12n1p2](https://doi.org/10.30845/aijcr.v12n1p2).
- Hee, K. K., Lee, B. M. (2023): Effects of Climate Change and Drought Tolerance on Maize Growth. Plants, 12(20): 3548. doi: [10.3390/plants12203548](https://doi.org/10.3390/plants12203548).
- Hemavathy, A. T. (2020): Principal component analysis in sweet corn (*Zea mays* L. Saccharata.). Forage Research, 45: 264–268.
- Horner, T. W., Fray, K. J. (1957): Methods for determining natural areas for oat varietal recommendations. Agronomy. Journal, 49(6): 313–315. doi: [10.2134/agronj1957.00021962004900060009x](https://doi.org/10.2134/agronj1957.00021962004900060009x).
- Hung, H. Y., Browne, C., Guill, K., Coles, N., Eller, M., Garcia, A., Lepak, N., Melia-Hancock, S., Oropeza-Rosas, M., Salvo, S., Upadaya, N., Buckler, E. S., Flint-Garcia, S., McMullen, M. D., Rocheford, T. R., Holland, J. B. (2012): The relationship between parental genetic or phenotypic divergence and progeny variation in the maize nested association mapping population. Heredity, 108: 490–499. doi: [10.1038/hdy.2011.103](https://doi.org/10.1038/hdy.2011.103).
- Hütsch, B. W., Schubert, S. (2017): Harvest Index of Maize (*Zea mays* L.): Are There Possibilities for Improvement? Advances in Agronomy, 146. 37–82. doi: [10.1016/bs.agron.2017.07.004](https://doi.org/10.1016/bs.agron.2017.07.004).
- Irwin, S., Good, D., Newton, J. (2015): "Early Planting and 2015 Corn Yield Prospects: How Much of an Increase?". Department of Agricultural and Consumer Economics, University of Illinois at Urbana-Champaign, May 20, 2015. Farmdoc daily, (5): 93.
- ISTA (1992): Handbook of Variety Testing: Electrophoresis Testing. International Seed Testing Association, Zurich, Suíça, 44 p.
- ISTA (2007): International Rules for Seed Testing Edition 2007, 1st edition, International Seed Testing Association, Bassersdorf, Switzerland.
- ISTA (2012): International Rules for Seed Testing Edition 2012, 1st edition, International Seed Testing Association, Bassersdorf, Switzerland.

- Iqbal, A., Sadaqat, H. A., Khan, A. S., Amjad, M., (2010): Identification of Sunflower (*Helianthus annuus* Asteraceae) Hybrids Using Simple-sequence Repeat Markers. *Genetic and Molecular Research*, 10(1): 102–106. doi: [10.4238/vol10-1gmr918](https://doi.org/10.4238/vol10-1gmr918).
- Iqbal, J., Shinwari, Z. K., Rabbani, M. A. (2014): Investigation of total seed storage proteins of Pakistani and Japanese maize (*Zea Mays* L.) through SDS-PAGE markers. *Pakistan Journal of Botany*, 46(3): 817–822.
- Jahangirlou, M. R., Akbari, G. A., Alahdadi, I., Soufizadeh, S., Kumar, U., Parsons, D. (2021): Phenotypic Traits, Grain Yield and Yield Components of Maize Cultivars Under Combinations of Management Practices in Semi-arid Conditions of Iran. *International Journal of Plant Production* 15(12): 459–471. doi: [10.1007/s42106-021-00151-7](https://doi.org/10.1007/s42106-021-00151-7).
- Jatto, M. I., Aisha, M., Kadams, A. M., Fakura, N. M. (2015): Correlation among yield and yield components in maize (*Zea mays* L.). *International Journal of Advanced Research*, 3(10): 413–416.
- Jenkins, M. T. (1936): Corn improvement. In E.S. Bressman (ed.) *Yearbook of agriculture 1936*. USDA, U.S. Gov. Print. Office, Washington, DC: 455–522.
- Jevtić, S. (1986): *Kukuruz*. Naučna knjiga, Beograd.
- Jia, Q., Sun, L., Ali, S., Zhang, Y., Liu, D., Kamran, M., Zhang, P., Jia, Z., Ren, X. (2018): Effect of planting density and pattern on maize yield and rainwater use efficiency in the Loess Plateau in China. *Agricultural Water Management*, 202: 19–32. doi: [10.1016/j.agwat.2018.02.011](https://doi.org/10.1016/j.agwat.2018.02.011).
- Jiang, G. L. (2013): Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants. In: Andersen, S.B., Ed., *Plant Breeding from Laboratories to Fields*, IntechOpen, London: 45–83. doi: [10.5772/52583](https://doi.org/10.5772/52583).
- Jones, D F (1918): The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.*, 4(8): 246–250. [10.1073/pnas.4.8.246](https://doi.org/10.1073/pnas.4.8.246).
- Josia, C., Mashingaidze, K., Amelework, A. B., Kondwakwenda, A., Musvosvi, C., Sibiya, J. (2021): SNP-based assessment of genetic purity and diversity in maize hybrid breeding. *PLoS One*, 16(8): e0249505. doi: [10.1371/journal.pone.0249505](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249505).
- Kabir, M J , Alauddinb, M, Crimpc, S. (2017): Farm-level Adaptation to Climate Change in Western Bangladesh: An Analysis of Adaptation Dynamics, Profitability and Risk. *Land Use Policy*, 64: 212–224. doi: [10.1016/j.landusepol.2017.02.026](https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2017.02.026).
- Kamara, M. M., Rehan, M., Ibrahim, K. M., Alsohim, A. S., Elsharkawy, M. M., Kheir, A. M. S., Hafez, E. M., El-Esawi, M. A. (2020): Genetic Diversity and Combining Ability of White Maize Inbred Lines under Different Plant Densities. *Plants*, 9(9): 1140 doi:[10.3390/plants9091140](https://doi.org/10.3390/plants9091140).
- Kang, M. S. (2004): Breeding: Genotype by environment interaction. *Encyclopedia of Plant and Crop Science*, 218–221. doi: [10.1081/E-EPCS-120010525](https://doi.org/10.1081/E-EPCS-120010525).
- Kaya, Ç., Kuşaksız, T. (2012): Determination of Yield and Some Yield Components of Maize (*Zea Mays* L.) Cultivars Sown at Different Planting Times. *Journal of Aegean Agricultural Research Institute*, 22(2): 48.
- Khan, M. B., Hussain, N., Iqbal, M. (2001): Effect of water stress on growth and yield components of maize variety YHS 202. *Agricultural and Food Sciences*, 12: 15–18.
- Khan, M. K., Pandey, A., Choudhary, S., Hakki, E. E., Akkaya, M. S., Thomas, G. (2014): From RFLP to DArT: molecular tools for wheat (*Triticum* spp.) diversity analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61(4): 1001–1032. doi:[10.1007/s10722-014-0114-5](https://doi.org/10.1007/s10722-014-0114-5).
- Konuskan, O., Kilinc, C. (2019): Effect of plant density on growth and grain yield of some hybrid corn (*Zea Mays* L.) varieties under Mediterranean environment. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(4): 2795–2801.
- Korsa, F., Dessalegn, O., Zeleke, H., Petros, Y. (2024): Genetic Variability for the Yield and Yield-Related Traits in SomeMaize (*Zea mays* L.) Inbred Lines in the Central Highland of Ethiopia. *International Journal of Agronomy*, (9): 1–13 doi: [10.1155/2024/9721304](https://doi.org/10.1155/2024/9721304).

- Kostadinović, M., Ristić, D., Božinović, S., Galić, V., Ignjatović-Micić, D., Vančetović, J.: (2024): Marker assisted selection of parental maize inbred lines for pyramiding of OPAQUE2 and CRTBR1 genes. *Genetika*, 6(3): 415–422. doi: [10.2298/GENSR2403415K](https://doi.org/10.2298/GENSR2403415K).
- Kovinčić, A., Marković, K., Ristić, D., Babić, V., Petrović, T., Živanović, T., Kravić, N. (2023): Efficiency of Biological Typing Methods in Maize Hybrid Genetic Purity Estimation. *Genes*, 14(6), 1195. doi: [2073-4425/14/6/1195](https://doi.org/2073-4425/14/6/1195).
- Kozak, M., Bocianowski, J., Liersch, A., Tartanus, M., Bartkowiak-Broda, I., Piotto, F. A., Azevedo, R. A. (2011): Genetic divergence is not the same as phenotypic divergence. *Molecular Breeding: new Strategies in Plant Improvement*, 28(2): 277–280. DOI:[10.1007/s11032-011-9583-9](https://doi.org/10.1007/s11032-011-9583-9).
- Kozak, M., Bocianowski, J., Rybinski, W. (2013): Note on the use of coefficient of variation for data from agricultural factorial experiments. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 19 (4): 644–646.
- Kravić, N., Babić, V., Ristić, D., Srdić, J., Anđelković, V. (2015): Prinosi i fenotipske karakteristike inbred linija kukuruza u promenljivim uslovima spoljašnje sredine. *Selekcija i semenarstvo*, 21(2): 1–10 doi: [10.5937/SelSem1502001K](https://doi.org/10.5937/SelSem1502001K).
- Krol-Badziak, A., Pishgar-Komleh, S. H., Rozakis, S., Ksiezak, J. (2021): Environmental and socio-economic performance of different tillage systems in maize grain production: Application of Life Cycle Assessment and Multi-Criteria Decision Making. *Journal of. Cleaner Production*, 278(4): 123792. doi:[10.1016/j.jclepro.2020.123792](https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2020.123792).
- Krstić, M., Mladenov, V., Ovuka, J., Stanisavljević, D., Mitrović, B., Krstić, J., Gvozdenac, S. (2021): Variability and interdependence of characteristics of maize hybrids of different vegetation lengths. *Selekcija i semenarstvo*, 27(1): 7–16. doi: [10.5937/SelSem2101007K](https://doi.org/10.5937/SelSem2101007K).
- Kucharik, C. J. (2006): A multidecadal trend of earlier corn planting in the central USA. *Agronomy. Journal*, 98(6): 1544–1550. doi: [10.2134/agronj2006.0156](https://doi.org/10.2134/agronj2006.0156).
- Kumar, C. M. R., Vishwanath, K., Shivakumar, N., Rajendra, P. S., Radha, B. N., Ramegowda (2012): Utilization of SSR markers for seed purity testing in popular rice hybrids (*Oryza sativa* L.). *Annals of Plant Science*, 1(1): 1–5.
- Kumar, A., Rakshit, A., Mangilipelli, N. K., Varalaxmi, Y., Vijayalakshmi, T., Vanaja, J. M., Yadav, S. K., Venkateswarlu, B., Maheswari, M. (2012): Genetic diversity of maize genotypes on the basis of morpho-physiological and simple sequence repeat (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 11(99), 16468-16477.
- Kumar, U., Laza, M. R., Soulié, J. C., Pasco, R., Mendez, K. V., Dingkuhn, M. (2016): Compensatory phenotypic plasticity in irrigated rice: sequential formation of yield components and simulation with SAMARA model. *Field Crops Research*, 193: 164–177. doi: [10.1016/j.fcr.2016.04.036](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2016.04.036).
- Kumari, R., Singh A. K., Sharma V. K., Kumar M. (2018): Isozyme analysis based genetic diversity studies in maize inbreds (*Zea mays* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, SP1: 390–393.
- Kwon, Y. S., Lee, J. M., Yi, G. B., Yi, S. I., Kim, K. M., Soh, E. H., Bae, K. M., Park, E. K., Song, I. H., Kim, B. D. (2005): Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Molecules and Cells*, 19(3): 428–435. doi: [10.1016/S1016-8478\(23\)13189-X](https://doi.org/10.1016/S1016-8478(23)13189-X).
- Lashkari, M., Madani, H., Ardakani, M. R., Golzardi, F., Zargari, K. (2011): Effect of Plant Density on Yield and Yield Components of Different Corn (*Zea mays* L.) Hybrids. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 10 (3): 450–457.
- Latković, D., Starčević, Lj., Marinković, B., Malešević, M., Jaćimović, G., Crnobarac, J. (2008): Uticaj roka i gustine seven a visinu prinosa kukuruza. *Letopis naučnih radova*, God. 32, Br. 1.: 70–74.
- Law, J. R., Anderson, S. R., Jones, E. S., Nelson, B. K., Mulaosmanovic, E., Smith, J. S. (2011): Characterization of maize germplasm: comparison of morphological dataset compiled using different approaches to data recording. *Maydica*, 56 (2): 1710–1722.

- Lee, E. A., Doerksen, T. K., Kannenberg, L. W. (2003): Genetics of yield stability in maize breeding populations. *Crop Science*, 43: 2018–2027. doi:[10.2135/cropsci2003.2018](https://doi.org/10.2135/cropsci2003.2018).
- Le-xiu, S., Shuang-xi, L., Jin-xing, W., Cheng-lai, W., Yan, L., Chun-qing, Z. (2016): The effects of grain texture and phenotypic traits on the thin-layer drying rate in maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(2): 317–325. doi: [10.1016/S2095-3119\(15\)61052-8](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(15)61052-8).
- Li, J., Xie, R. Z., Wang, K. R., Ming, B., Guo, Y. Q., Zhang, G. Q., Li, S. K. (2015): Variations in maize dry matter, harvest index, and grain yield with plant density. *Agronomy Journal* 107(3): 829–834. doi:[10.2134/agronj14.0522](https://doi.org/10.2134/agronj14.0522).
- Li, L., Liu, L., Zhang, D. S., Wu, P.; Zhang, F. L., Xu, X. L. (2017): Hybrid purity testing of *Brassica rapa* using SSR marker technology. *Horticultural Science*, 52(10): 1342–1348. doi: [10.21273/HORTSCI12023-17](https://doi.org/10.21273/HORTSCI12023-17)
- Li, X. F., Shao, J. Y., Yu, W. Z., Liu, P., Zhang, J. W., Ren, B. Z.. (2022): Combined effects of high temperature and drought on yield and photosynthetic characteristics of summer maize. *Scientia Agricultura Sinica*, 55(15): 3516–3529. doi: [10.3864/j.issn.0578-1752.2022.18.004](https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2022.18.004).
- Li, Z., Coffey, L., Garfin, J., Miller, N. D., White, M. R., Spalding, E. P., Leon, N., Kaeppler, S. M., Schnable, P. S., Sprunge, N. M., Hirsch, C. N. (2018): Genotype-by-environment interactions affecting heterosis in maize. *PLoS ONE*, 13(1): e0191321. doi: [10.1371/journal.pone.0191321](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0191321).
- Lindsey, A. J., Thomison, P. R. (2016): Drought-tolerant corn hybrid and relative maturity grain yield response to plant population and planting date. *Agronomy Journal*, 108: 229–242. doi: [10.2134/agronj2015.0200](https://doi.org/10.2134/agronj2015.0200).
- Liu, M., Tan, X., Yang, Y., Liu, P., Zhang, X., Zhang, Y., Wang, L., Hu, Y., Ma, L., Li, Z., Zhang, Y., Zou, C., Lin, H., Gao, S., Lee, M., Lübberstedt, T., Pan, G., Shen, Y. (2020): Analysis of the genetic architecture of maize kernel size traits by combined linkage and association mapping. *Plant Biotechnological Journal*, 18(1): 207–221. doi: [10.1111/pbi.13188](https://doi.org/10.1111/pbi.13188).
- Liu, M. Y., Sheng, D. C., Liu, X. L., Wang, Y. Y., Hou, X. F., Wang, Y. Q., Wang, P., Guan, L., Dong, X., Huang, S. B. (2022): Dissecting heat tolerance and yield stability in maize from greenhouse and field experiments. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 208(2): 348–361. doi: [10.1111/jac.12590](https://doi.org/10.1111/jac.12590).
- Liu, P., Yin, B., Gu, L., Zhang, S., Ren, J., Wang, Y., Duan, W., Zhen, W. (2023): Heat stress affects tassel development and reduces the kernel number of summer maize. *Frontiers in Plant Science*, 14: 1186921. doi: [10.3389/fpls.2023.1186921](https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1186921).
- Liu, W., Liu, G., Yang, Y., Guo, X., Ming, B., Xie, R., Liu, Y., Wang, K., Hou, P., Shaokun, L. (2021): Spatial variation of maize height morphological traits for the same cultivars at a large agroecological scale. *European Journal of Agronomy*, 130: 126349. doi: [10.1016/j.eja.2021.126349](https://doi.org/10.1016/j.eja.2021.126349).
- Liu, W., Ming, B., Xie, R., Liu, G., Wang, K., Yang, Y., Guo, X., Hou, P., Li, S. (2020): Change in maize final leaf numbers and its effects on biomass and grain yield across China. *Agriculture*, 10(9): 411. doi: [10.3390/agriculture10090411](https://doi.org/10.3390/agriculture10090411).
- Liu, W., Yu, Y., Huang, S., Xu, C., Wang, X., Gao, J., Meng, Q., Wang, P. (2022): The impact of drought and heat stress at flowering on maize kernel filling: Insights from the field and laboratory. *Agricultural and Forest Meteorology*, 312: 108733. doi: [10.1016/j.agrformet.2021.108733](https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2021.108733).
- Liu, X. W., Wang, X. L., Wang, X. Y., Gao, J., Luo, N., Meng, Q. F., Wang, P. (2020): Dissecting the critical stage in the response of maize kernel set to individual and combined drought and heat stress around flowering. *Environmental and Experimental Botany*, 179: 104213. doi: [10.1016/j.envexpbot.2020.104213](https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2020.104213).
- Liu, X., Hu, X., Li, K., Liu, Z., Wu, Y., Wang, H., Huang, C. (2020): Genetic mapping and genomic selection for maize stalk strength. *BMC Plant Biology*, 20: 196. doi: [10.1186/s12870-020-2270-4](https://doi.org/10.1186/s12870-020-2270-4).

- Lizaso, J. I., Ruiz-Ramos, M., Rodríguez, L., Gabaldon-Leal, C., Oliveira, J. A., Lorite, I. J., Sánchez, D., García, E., Rodríguez, A. (2018): Impact of high temperatures in maize: Phenology and yield components. *Field Crops Research*, 216: 129–140. doi: [10.1016/j.fcr.2017.11.013](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.11.013).
- Lobell, D. B., Roberts, M. J., Schlenker, W., Braun, N., Little, B. B., Rejesus, R. M., Hammer, G. L. (2014): Greater sensitivity to drought accompanies maize yield increase in the US Midwest. *Science*, 344(6183): 516–519. doi: [10.1126/science.1251423](https://doi.org/10.1126/science.1251423).
- Long, Y., Zeng, Y., Liu, X., Yang, Y. (2024): Multivariate Analysis of Grain Yield and Main Agronomic Traits in Different Maize Hybrids Grown in Mountainous Areas. *Agriculture*, 14(10): 1703. doi: [10.3390/agriculture14101703](https://doi.org/10.3390/agriculture14101703).
- Ma, L., Ahuja, L. R., Islam, A., Trout, T. J., Saseendram, S.A., Malone, D. W. (2017): Modeling yield and biomass responses of maize cultivars to climate change under full and deficit irrigation. *Agricultural Water Management*, 180: 88–98. doi: [10.1016/j.agwat.2016.11.007](https://doi.org/10.1016/j.agwat.2016.11.007).
- Macha, S. I., Biradarpatil, N. K., Hanchinal, R. R., Vyakaranahal, B. S., Janagoudar, B. S., Katageri, I. S. (2011): Characterization of DCH-32 cotton hybrid and parental lines by SDS-PAGE and RAPD marker. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 24(3): 396–399.
- Madhukeshwara, B. P., Sajjan, A. S. (2015): Morphometric characterization of maize hybrids and their parents using DUS guidelines. *Advance Research Journal Of Crop Improvement*, 6(2): 178–182. doi: [10.15740/HAS/ARJCI/6.2/178-182](https://doi.org/10.15740/HAS/ARJCI/6.2/178-182).
- Mafouasson, H. N. A., Gracen, V., Yeboah, M. A., Ntsomboh-Ntsefong, G., Tandzi, L. N., Mutengwa, C. S. (2018): Genotype-by-Environment Interaction and Yield Stability of Maize Single Cross Hybrids Developed from Tropical Inbred Lines. *Agronomy* 8(5): 62. doi: doi.org/10.3390/agronomy8050062.
- Magudeeswari, P., Sastry, E. V., Devi, T. R. (2019): Principal component (PCA) and cluster analyses for plant nutrient traits in baby corn (*Zea mays* L.). *Indian Journal of Agricultural Research*, 53(3): 353–357. doi: [10.18805/IJARE.A-5042](https://doi.org/10.18805/IJARE.A-5042).
- Malosetti, M., Ribaut, J. M., Van, Eeuwijk F. A. (2013): The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, 4: 1–17. doi: [10.3389/fphys.2013.00044](https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044).
- Mandić, V. (2011): Genotipski odgovor *stay green* hibrida kukuruza na povećanu gustinu useva. Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet Univerziteta u Beogradu, Republika Srbija, 1–162.
- Mandić, V., Bijelić, Z., Krnjaja, V., Tomić, Z., Stanojković-Sebić, A., Stanojković, A., CaroPetrović, V. (2016): The effect of crop density on maize grain yield. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 32 (1): 83–90. doi: [10.2298/BAH1601083M](https://doi.org/10.2298/BAH1601083M).
- Mangelsdorf, P.C. (1986): The origin of corn. *Scientific American* 255: 80–86. doi: [10.1038/SCIENTIFICAMERICAN0886-80](https://doi.org/10.1038/SCIENTIFICAMERICAN0886-80).
- Maresma, A., Ballesta, A., Santiver, F., Lloveras, J. (2019): Sowing Date Affects Maize Development and Yield in Irrigated Mediterranean Environments. *Agriculture*, 9(3), 67. doi: [10.3390/agriculture9030067](https://doi.org/10.3390/agriculture9030067).
- Marić, V. (2013): Uticaj genotipa i gustine useva na morfološke osobine i prinos kukuruza. Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet Univerziteta u Beogradu, Republika Srbija, 1–118.
- Martin, K. L., Hodgen, P. J., Freeman, K. W., Melchiori, R., Arnall, D. B., Teal, R. K., Mullen, R. W., Desta, K., Phillips, S. B., Solie, J. B., Stone, M. L., Caviglia, O., Solari, F., Bianchini, A., Francis, D. D., Schepers, J. S., Hatfield, J. L., Raun, W. R. (2005): Plant-to-plant variability in corn production. *Agronomy Journal*, 97(6): 1603–1611. doi: [10.2134/agronj2005.0129](https://doi.org/10.2134/agronj2005.0129).
- Mather, K. (1949): *Biometrical Genetics*. Methuen, London.
- Mather, K., Jinks, J. L. (1971): *Biometrical Genetics*. Sec. Ed. Chapman and Hall. London.
- Mathiang, E. A., Sa, K. J., Park, H., Kim, Y. J., Lee, J. K. (2022): Genetic Diversity and Population Structure of Normal Maize Germplasm Collected in South Sudan Revealed by SSR Markers. *Plants (Basel)*. Oct 20;11(20):2787. doi: [10.3390/plants11202787](https://doi.org/10.3390/plants11202787). PMID: 36297809; PMCID: PMC9611378.

- Matsuoka, Y., Vigouroux, Y., Goodman, M. M., Sanchez, J., Buckler, E. S., Doebley, J. F. (2002): A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 99: 6080–6084. doi: [10.1073/pnas.052125199](https://doi.org/10.1073/pnas.052125199).
- McCouch, S. R., Wright, M. H., Tung, C. W., Maron, L. G., McNally, K. L., Fitzgerald M., Singh N., DeClerck G., Agosto-Perez F., Korniliev, P., Greenberg, A. J., Naredo, M. E. B., Mercado, S. M. Q., Harrington, S. E., Shi Y., Branchini, D. A., Falcão, P. R. K., Leung, H., Ebana, K., Yano, M., Eizenga, G., McClung, A., Mezey, J. (2016): *Nature Communications*, 7: 10532. doi: [10.1038/ncomms10532](https://doi.org/10.1038/ncomms10532).
- Mehandžić, S., Crnobarac, J., Marinković B., Jocković Đ. (2008): Effects of sowing dates on the yield and morphological traits of seed maize. *Časopis za procesnu tehniku i energetiku u poljoprivredi / PTEP*, 12(1–2): 74–77.
- Mishra, K. K., Fougat, R. S., Ballani, A., Thakur, V., Yachana, J., Madhumati, B. (2014): Potential and application of molecular markers techniques for plant genome analysis. *Indian Journal of Pure & Applied Biosciences*, 2(1): 169–188.
- Mitrović, B. (2013): Genetička varijabilnost i multivariaciona analiza važnijih agronomskih osobina populacije kukuruza uske genetičke osnove. Doktorska disertacija. Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet: 1–87.
- Mounika, K., Ahamed, M., Umar, S. N. (2018): Principal Component and Cluster Analysis in Inbred Lines of Maize (*Zea mays* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(6): 3221–3229. doi: [10.20546/ijcmas.2018.706.379](https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.706.379).
- Mukri, G., Patil, M. S., Motagi, B. N., Bhat, J. S., Singh, C., Kumar, S. P. J., Gadag, R. N., Gupta, N. C., Gandara, J. S. (2022): Genetic variability, combining ability and molecular diversity-based parental line selection for heterosis breeding in field corn (*Zea mays* L.). *Molecular Biology Reports*, 49(6): 4517–4524. doi: [10.1007/s11033-022-07295-3](https://doi.org/10.1007/s11033-022-07295-3).
- Munarini, A., Nodari, R. O. (2021): Effect of sowing time and density for vegetative and reproductive traits of genotypes of maize landrace in an agroecological system. *Ciência Rural*, Santa Maria, 51(5): e20200145. doi: [10.1590/0103-8478cr20200145](https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200145).
- Mwendo, M. M., Mbega, E. R., Ndunguru, J., Philipo, M. (2024): AMMI and GGE biplot analysis of maize genotypes for seed yield across different maize growing location in Tanzania. *Cogent Food & Agriculture*, 11(1). doi: [10.1080/23311932.2024.2438909](https://doi.org/10.1080/23311932.2024.2438909).
- Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Hatipoğlu, R., Ahmad, F., Alsaleh, A., Labhane, N., Özkan, H., Chung, G., Baloch, F. S. (2018): DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2): 261–285. doi: [10.1080/13102818.2017.1400401](https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401).
- Nataraj, V. Shahi, P. J., Agarwal, V. (2014): Correlation and path analysis in certain inbred genotypes of maize (*Zea Mays* L.) at Varanasi. *International Journal of Innovative Research and Development*, 3(1): 14–17.
- Neiff, N., Trachsel, S., Valentinuz, O. R., Balbi, C. N., Andrade, F. H. (2016): High temperatures around flowering in maize: Effects on photosynthesis and grain yield in three genotypes. *Crop Science*, 56(5): 2702–2712. doi: [10.2135/cropsci2015.12.0755](https://doi.org/10.2135/cropsci2015.12.0755).
- Ngoune, T. L., Mutengwa, S. C. (2020): Estimation of maize (*Zea mays* L.) yield per harvest area: appropriate methods. *Agronomy*, 10(1): 29. doi: [10.3390/agronomy10010029](https://doi.org/10.3390/agronomy10010029).
- Nikolić, A., Anđelković, V., Dodig, D., Mladenović Drinić, S., Kravić, N., Ignjatović-Micić, D. (2013): Identification of QTL-s for drought tolerance in maize, II: Yield and yield components. *Genetika*, 45(2): 341–350. Doi: [10.2298/GENSR1302341N](https://doi.org/10.2298/GENSR1302341N).
- Nikolić, Z., Vujaković, M., Jevtić, A. (2008): Genetic purity of sunflower hybrids determined on the basis of isozymes and seed storage proteins. *Helia*, 31(48):47–54. doi: [10.2298/HEL0848047N](https://doi.org/10.2298/HEL0848047N).
- Niu, X., Xie, R., Liu, X., Zhang, F., Li, S., Gao, S. (2013): Maize yield gains in Northeast China in the last six decades. *Journal of Integrative Agriculture*, 12(4): 630–637. doi: [10.1016/S2095-3119\(13\)60281-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60281-6).

- Noli, E. (2004): Analysis of Genetic Quality of Tomato, Pepper and Eggplant Seeds by Means of Seed Storage Protein Electrophoresis. *Sementi Elette*, 50: 67–74.
- Oehme, L. H., Reineke, A. J., Weiß, T. M., Würschum, T., He, X., Müller, J. (2022): Remote Sensing of Maize Plant Height at Different Growth Stages Using UAV-Based Digital Surface Models (DSM). *Agronomy*, 12(4): 958. doi: [10.3390/agronomy12040958](https://doi.org/10.3390/agronomy12040958).
- Onwimol, D., Chanpreme, S., Thongket, T. (2010): Seed storage protein extraction and gel pH gradient for cucumber varietal identification via an ultrathin-layer isoelectric focusing technique. *Kasetsart Journal (Nature Science)*, 44 (5): 902–911.
- Ortiz, R, Crossa, J, Franco, J, Sevilla, R, Burgueño, J. (2008): Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. *Genetic Resources Crop Evolution* 55: 151–162. [10.1007/s10722-007-9224-7](https://doi.org/10.1007/s10722-007-9224-7).
- Osborne, T. B., Mendel, L. B., Ferry, E. L. Wakeman, A. J. (1914): Nutritive properties of proteins of the maize kernel. *Journal of Biological Chemistry*. 18: 1–16.
- Pan, L., George-Jaeggli, B., Borrell, A., Jordan, D., Koller, F., Al-Salman, Y., Ghannoum, O., Cano, F. J. (2022): Coordination of stomata and vein patterns with leaf width underpins water-use efficiency in a C4 crop. *Plant Cell and Environment*, 45(6): 1612–1630. doi: [10.1111/pce.14225](https://doi.org/10.1111/pce.14225).
- Pandurović, Ž., Glamočlija, Đ., Stevović, V., Dragičević, V., Gavrilović, M. (2009): Effects of crop densities and nitrogen fertilizing on the maize ear length, number of kernel rows and seed size. *Journal of Scientific Agricultural Research*, 70(4): 27–33.
- Parent, B., Leclere, M., Lacube, S., Semenov, M. A., Welcker, C., Martre, P., Tardieu, F. (2018): Maize yields over Europe may increase in spite of climate change, with an appropriate use of the genetic variability of flowering time. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(42): 10642–10647. doi: [10.1073/pnas.1720716115](https://doi.org/10.1073/pnas.1720716115).
- Patil S. M., Chavan L. N., Kauthale V. K., Nalawade A. D. (2018): Agro-Morphological Characterization of Maize (*Zea mays* L.) Landraces from Tribal Block of Nandurbar District in Maharashtra (India). *International Journal of Pure and Applied Bioscience*, 6 (6): 266–270. doi: 10.18782/2320-7051.7090.
- Pavličić, J., Trifunović, V. (1966): Prilog poznavanju nekih značajnijih ekotipova kukuruza gajenih u Jugoslaviji i njihova klasifikacija. *Arhiv za poljoprivredne nauke*, 19: 44–62.
- Pavlov, J., Delić, N., Čamdžija, Z., Branković, G., Milosavljević, N., Grčić, N., Božinović, S. (2023): Grain yield stability estimates of late maturity maize hybrids. *Genetika*, 55(2): 505–522. doi: [10.2298/GENSR2302505P](https://doi.org/10.2298/GENSR2302505P).
- Perez, R. P. A., Fournier, C., Cabrera-Bosquet, L., Artzet, S., Pradal, C., Brichet, N., Chen, T. W., Chapuis, R., Welcker, C., Tardieu, F. (2019): Changes in the vertical distribution of leaf area enhanced light interception efficiency in maize over generations of selection. *Plant Cell and Environment*, 42(7): 2105–2119. doi: [10.1111/pce.13539](https://doi.org/10.1111/pce.13539).
- Pinnisch, R., Mowers, R., Trumpy, H., Walejko, R., Bush, D. (2012): Evaluation of maize (*Zea mays* L) inbred lines for yield component traits and kernel morphology. *Maydica*, 57(1): 1–5.
- Poczai, P., Varga, I., Laos, M., Cseh, A., Bell, N., Valkonen, J. P., Hyvönen, J. (2013): Advances in plant gene-targeted and functional markers: a review. *Plant Methods*, 9(1): 6. doi: [10.1186/1746-4811-9-6](https://doi.org/10.1186/1746-4811-9-6).
- Poude, R. (2023): Effect of drought stress on growth and yield parameters of *Zea Mays* – a comprehensive review. *Agribusiness Management In Developing Nations*, 1(2): 72–75. doi: [10.26480/amdn.02.2023.67.70](https://doi.org/10.26480/amdn.02.2023.67.70).
- Pramanik, K., Sahu, G. S., Acharya, G. C., Tripathy, P., Dash, M., Koundinya, A.V.V., Jena, C., Kumar, D. S., Mohapatra, P. P., Pradhan, J., Karubakee, S., Moharana D. P. (2024): Estimating phenotypic stability for relevant yield and quality traits in French bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using AMMI analysis. *Heliyon*, 10(5): e26918. doi: [10.1016/j.heliyon.2024.e26918](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e26918).
- Prasad, B.V.V., Shivani, D. (2017): Correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Genetics, Genomics and Plant Breeding*, 1(2): 1–7.

- Prasanna, B. M., Nair, S. K., Babu, R., Gowda, M., Zhang, X., Xu, Y., Olsen, M., Chaikam, V., Cairns, J. E., Zaman-Allah, M., Beyene, Y., Tarekegne, A., Magorokosho C. (2020): Kole (ed.), Genomic Designing of ClimateSmart Cereal Crops. Cham: Springer International Publishing : 97–132. doi: [10.1007/978-3-319-93381-8_3](https://doi.org/10.1007/978-3-319-93381-8_3).
- Priyanto, S. B., Prayitno, O. D., Efendi, R. (2023): Correlation and path analysis maize hybrid yield. Jurnal Lahan Suboptimal: Journal of Suboptimal Lands, 12(1): 80–87. doi: [10.36706/jlso.12.1.2023.629](https://doi.org/10.36706/jlso.12.1.2023.629).
- Rabbani, B., Safdary, A. J. (2021): Effect of sowing date and plant density on yield and yield components of three maize (*Zea mays* L.) genotypes in Takhar climatic conditions of Afghanistan. Central Asian Journal of Plant Science Innovation, 2: 109–120. doi: [10.22034/CAJPSI.2021.02.06](https://doi.org/10.22034/CAJPSI.2021.02.06).
- Radić, D. (1872): Sve o kukuruzu. Društvo za poljsku privredu, Beograd
- Rah Khosravani, A. T., Mansourifar, C., Sanavy, S. A. M. M., Asilan, K. S., Keshavaraz, H. (2017): Effects of Sowing Date on Physiological Characteristics, Yield and Yield Components for Different Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. Notulae Scientia Biologica, 9(1): 143–147. doi: [10.15835/nsb919913](https://doi.org/10.15835/nsb919913).
- Rajičić, V., Stojiljković, J., Đurić, N., Tupajić, I., Šević, B., Perišić, V., Terzić, D. (2024): Influence of year and soil type on the yield of different maize hybrids. Acta Agriculturae Serbica, 29 (58): 75–83. doi: [10.5937/AASer2458075R](https://doi.org/10.5937/AASer2458075R)
- Ranere, A. J., Piperno, D. R., Holst, I., Dickau, R., Iriarte, J. (2009): The cultural and chronological context of early Holocene maize and squash domestication in the Central Balsas River Valley, Mexico. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 106: 5014–5018. doi: [10.1073/pnas.0812590106](https://doi.org/10.1073/pnas.0812590106).
- Raza, M. A., Bin Khalid, M. H., Zhang, X., Feng, L. Y., Khan, I., Hassan, M. J., Ahmed, M., Ansar, M., Chen, Y. K., Fan, Y. F., Yang, F., Yang, W. (2019): Effect of planting patterns on yield, nutrient accumulation and distribution in maize and soybean under relay intercropping systems. Scientific Reports, 9(1): 4947. doi: [10.1038/s41598-019-41364-1](https://doi.org/10.1038/s41598-019-41364-1).
- Rebourg, C., Chastanet, M., Gouesnard, B., Welcker, C., Dubreuil, P., Charcosset, A. (2003): Maize introduction into Europe: the history reviewed in the light of molecular data. Theoretical and Applied Genetics, 106(5): 895–903. doi: [10.1007/s00122-002-1140-9](https://doi.org/10.1007/s00122-002-1140-9).
- Reddy, S. G. M., Lal, G. M., Krishna, T. V., Reddy, Y. V. S., Sandeep, N. (2022): Correlation and Path Coefficient Analysis for Grain Yield Components in Maize (*Zea mays* L.). International Journal of Plant & Soil Science, 34(23): 24–36. doi: [10.9734/ijpss/2022/v34i2231526](https://doi.org/10.9734/ijpss/2022/v34i2231526).
- Regmi, A., Niraula, D., Shrestha, U., Shrestha, S., Kandel, B. P. (2022): Evaluation of performance and genetic parameters in quality protein maize genotypes. Journal of Agriculture and Natural Resources, 5(1): 52–62. doi: [10.3126/janr.v5i1.50514](https://doi.org/10.3126/janr.v5i1.50514).
- Ren, H., Liu, M., Zhang, J., Liu, P., Liu, C. (2022): Effects of agronomic traits and climatic factors on yield and yield stability of summer maize (*Zea mays* L) in the Huang-Huai-Hai Plain in China. Frontiers in Plant Science, 13: 1050064. doi: [10.3389/fpls.2022.1050064](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1050064).
- Republički zavod za statistiku R. Srbije (2023): <https://publikacije.stat.gov.rs/G2023/Pdf/G20232056.pdf>.
- Rigon, J. P. G., Rigon, C. A. G., Capuani, S. (2014): Quantitative descriptors and their direct and indirect effects on corn yield. Bioscience Journal, 30(2): 356–362.
- Rufo, M. L., Gentry, L. F., Henninger, A. S., Seebaue, J. R., Below, F. E. (2015): Evaluating management factor contributions to reduce corn yield gaps. Agronomy Journal, 107: 495–505. doi: [10.2134/agronj14.0355](https://doi.org/10.2134/agronj14.0355).
- Sah, R. P., Chakraborty, M., Prasad, K., Pandit, M., Tudu, V. K., Chakravarty, M. K., Narayan, S. C., Rana, M., Moharana, D. (2020): Impact of water deficit stress in maize: Phenology and yield components. Scientific Reports, 10(1): 2944. doi: [10.1038/s41598-020-59689-7](https://doi.org/10.1038/s41598-020-59689-7).
- Saleh, M., Izge, A. U., Sabo, M. U., Buba, U. M., Fagam, A. S. (2022): Principal Component Analysis in Inbred of Maize (*Zea mays* L.) in a Diallel Cross. Direct Research Journal of Agriculture and Food Science, 10(1): 22–31.

- Salgado, K. C. P. C., Vieira, M. G. G. C., Pinho, E. V. R. V., Guimarães, C. T., Pinho, R. G. V., Sousa, L. V. (2006): Genetic purity certificate in seeds of hybrid maize using molecular markers. *Revista Brasileira de Sementes* 28: 169–175. doi: [10.1590/S0101-31222006000100024](https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000100024).
- Sammour, R. H. (2014): Cultivars identification based on biochemical markers. *Research & Reviews in BioSciences*, 8(9): 347–358.
- Sandhu, S., Dhillon, B. S. (2021): Breeding plant type for adaptation to high plant density in tropical maize-A step towards productivity enhancement. *Plant Breeding*, 140: 509–518. doi:[10.1111/pbr.12949](https://doi.org/10.1111/pbr.12949).
- Sangoi, L. (2000): Understanding plant density effects on maize growth and development: an important issue to maximize grain yield. *Ciencia Rural*, 31(1): 159–168. doi:[10.1590/S0103-84782001000100027](https://doi.org/10.1590/S0103-84782001000100027).
- Schauburger, B., Archontoulis, S., Arneth, A., Balkovic, J., Ciais, P., Deryng, D., Elliott, J., Folberth, C., Khabarov, N., Müller, C. (2017): Consistent negative response of US crops to high temperatures in observations and crop models. *Nature Communications*, 8(1): 13931. doi: [10.1038/ncomms13931](https://doi.org/10.1038/ncomms13931).
- Sebetha, E. T., Modi, A. T., Owweye, L. G. (2015): Maize Seed Quality in Response to Different Management Practices and Sites. *Journal of Agricultural Science*, 7 (1): 215–223. doi: [10.5539/jas.v7n1p215](https://doi.org/10.5539/jas.v7n1p215).
- Sečanski, M., Mirić, M., Radenović, Č., Marković, K., Jovanović, Ž, Popović, A. (2015): Značaj kontinuiranog unapređenja proizvodnje i kontrole osnovnog semena ZP hibrida kukuruza. *Selekcija i semenarstvo*, 21(2): 103–117. doi: [10.5937/SelSem1502103S](https://doi.org/10.5937/SelSem1502103S).
- Semagn, K., Beyene, Y., Makumbi, D., Mugo, S., Prasanna, B. M., Magorokosho, C., Altin, G. (2012): Quality control genotyping for assessment of genetic identity and purity in diverse tropical maize inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 125: 1487–1501. Doi: [10.1007/s00122-012-1928-1](https://doi.org/10.1007/s00122-012-1928-1).
- Shah, H., Siderius, C., Hellegers, P. (2021): Limitations to adjusting growing periods in different agroecological zones of Pakistan. *Agricultural System*, 192: 103184. doi:[10.1016/j.agsy.2021.103184](https://doi.org/10.1016/j.agsy.2021.103184).
- Shao, R., Yu, K., Li, H., Jia, S., Yang, Q., Zhao, X., Zhao, Y., Liu, T. (2021): The effect of elevating temperature on the growth and development of reproductive organs and yield of summer maize. *Journal of Integrative Agriculture*, 20 (7): 1783–1795. doi: [10.1016/S2095-3119\(20\)63304-4](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63304-4).
- Sharma, T., Kumar, A., Dwivedi, S. C., Vyas, R. P. (2014): Estimate of genetic factors and correlation analysis in maize (*Zea Mays* L.). *Plant Archives*, 14 (1): 19–21
- Shi, J., Li, R., Qiu, D., Jiang, C., Long, Y., Morgan, C., Bancroft, I., Zhao, J., Meng, J. (2009): Unraveling the complex trait of crop yield with quantitative trait loci mapping in *Brassica napus*. *Genetics*, 182(3): 851–861. doi: [10.1534/genetics.109.101642](https://doi.org/10.1534/genetics.109.101642).
- Shinde, N. A., Bharose, A. A., Sarode, D. K., Swathi, R. S., Pimpale, P. A., Shinde, S. S. (2021): Assessment of Hybrid Purity in Maize (*Zea mays* L.) Using RAPD and SSR Markers. *The Pharma Innovation Journal*, 10(4): 870–874.
- Shojaei, S. H., Bihanta, M. R., Mousavi, S. M. N., Qasemi, S. H. , Keshavarzi, M. H. B., Omrani, A. (2024): Application of graphical analysis and principal components to identify the effect of genotype × trait in maize hybrids. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 7: e20548. doi: [10.21203/rs.3.rs-3895246/v1](https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3895246/v1).
- Shrestha, J., Kandel, M., Chaudhary, A. (2018): Effects of planting time on growth, development and productivity of maize (*Zea mays* L.). *Journal of Agriculture and Natural Resources*, 1(1), 43–50. doi: [10.3126/janr.v1i1.22221](https://doi.org/10.3126/janr.v1i1.22221).
- Sibonginkosi, N., Mzwandile, M., Tamado, T. (2019): Effect of Plant Density on Growth and Yield of Maize [*Zea mays* (L.)] Hybrids at Luyengo, Middleveld of Eswatini. *Asian Plant Research Journal*, 3(3-4): 1–9. doi: [10.9734/aprj/2019/v3i3-430066](https://doi.org/10.9734/aprj/2019/v3i3-430066).

- Signor, C. L., Dousse, S., Lorgeou, J., Denis, J. B., Bonhomme, R., Carolo, P., Charcosset, A. (2001): Interpretation of genotype x environment interactions for early maize hybrids over 12 years. *Crop Science*, 41(3): 663–669. doi: [10.2135/cropsci2001.413663x](https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413663x).
- Silva, P. C., Sánchez, A. C., Opazo, M. A., Mardones, L. A., Acevedo, E. A. (2022): Grain yield, anthesis-silking interval, and phenotypic plasticity in response to changing environments: Evaluation in temperate maize hybrids. *Field Crops Research*, 285: 108583. doi: [10.1016/j.fcr.2022.108583](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108583).
- Silva, P. S. L., Silva, P. I. B., Soares, E. B., Silva, E. M., Santos, L. E. B. (2014): Green ear and grain yield of maize grown at sowing densities. *Revista Caatinga*, Mossoró, 27(1): 116–121
- Službeni glasnik Republike Srbije br. 45 (2005).
- Smith, J. S. C. (1989): Gene markers and their uses in the conservation, evaluation, and utilization of genetic resources of maize (*Zea mays* L.), p. 125–138. In: H. T. Stalker and C. Chapman (eds.). *Scientific management of germplasm: Characterization, evaluation, and enhancement*. IBPGR training courses: Lecture series 2. Dept. of Crop Science, North Carolina State Univ., Raleigh, and IBPGR, Rome.
- Sofi, P. A. (2007): Genetic Analysis of Tassel and Ear Characters in Maize (*Zea mays* L.) Using Triple Test Cross. *Asian Journal of Plant Sciences*, 6 (5): 881–883. doi: [10.3923/ajps.2007.881.883](https://doi.org/10.3923/ajps.2007.881.883).
- Song, L., Jin, J. (2020): Effects of sunshine hours and daily maximum temperature declines and cultivar replacements on maize growth and yields. *Agronomy*, 10(12), 1862. doi: [10.3390/agronomy10121862](https://doi.org/10.3390/agronomy10121862).
- Song, L., Liu, X., Chen, W., Hao, Z., Bai, L., Zhang, D. (2013): Genetic Relationships Among Chinese Maize OPVs Based on SSR Markers. *Journal of Integrative Agriculture*, (12), 1130–1137. doi: [10.1016/S2095-3119\(13\)60341-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60341-X).
- Souza, M. H., Pereira Júnior, J. D., Steckling, S. M., Mencalha, J., Dias, F. D. S., Rocha, J. R. D. A. S. C., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S. (2020). Adaptability and stability analyses of plants using random regression models. *Plos one, Public Library of Science*, 15(12): 1–19. doi: [10.1371/journal.pone.0233200](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233200)
- Souza, V. Q., Baretta, D., Nardino, M., Carvalho, I. R., Follmann, D. N., Konflanz, V. A., Schmidt, D. (2015): Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. *Científica*, 43(3): 246–253. doi: [10.15361/1984-5529.2015v43n3p246-253](https://doi.org/10.15361/1984-5529.2015v43n3p246-253).
- Srećkov, Z., Boćanski, J., Mrkonjić, Z., Bojović, M., Vukelić, I., Vasić, V., Racić, G., Nikolić, O. (2023): Biotehnologija i savremeni pristup u gajenju i oplemenjivanju bilja, Nacionalni skup sa međunarodnim učešćem, 2. Novembar 2023, Smederevska Palanka. Zbornik radova: 190–197.
- Starčević, Lj., Latković, D. (2006): Povoljna godina za rekordne prinose kukuruza. Zbornik radova Instituta za ratarstvo i povrtarstvo, 42 (2): 299–310.
- Starčević, Lj., Latković, D., Marinković, B. (1995): Proizvodnja kukuruza u Vojvodini (prošlost, sadašnjost i budućnost). Zbornik radova Instituta za ratarstvo i povrtarstvo, Poljoprivrednog fakulteta u Novom Sadu, sv. 23: 227–240.
- Stepić, V., Cvijanović, G., Đurić, N., Bajagić, M., Marinković, J., Cvijanović, V. (2022): Influence of zinc treatments on grain yield and grain quality of different maize genotypes. *Plant, Soil and Environment*, 68(5): 223–230. doi: [10.17221/93/2022-PSE](https://doi.org/10.17221/93/2022-PSE).
- Stojiljković, J., Rajičić, V., Đurić, N., Biberdžić, M., Terzić, D., Rakonjac, A., Zečević, V. (2023): Uticaj hibrida različitih FAO grupa zrenja i agroekoloških uslova na prinos kukuruza. Zbornik radova 3. Nacionalnog naučnog skupa sa međunarodnim učešćem "Biotehnologija i savremeni pristup u gajenju i oplemenjivanju bilja", 2. novembar 2023, Smederevska Palanka, Srbija, 116–125.
- Studnicki, M., Wijata, M., Sobczyński, G., Samborski, S., Gozdowski, D., Rozbicki, J. (2016): Effect of genotype, environment and crop management on yield and quality traits in spring wheat. *Journal of Cereal Science*, 72: 30–37. doi: [10.1016/j.jcs.2016.09.012](https://doi.org/10.1016/j.jcs.2016.09.012).

- Studnicki, M., Wijata, M., Sobczyński, G., Samborski, S., Rozbicki, J. (2018): Assessing Grain Yield and Quality Traits Stability of Spring. Cereal Research Communications. 46(1): 180–190. doi: [10.1556/0806.45.2017.066](https://doi.org/10.1556/0806.45.2017.066).
- Sulewska, H., Śmiatacz, K., Szymanska, G., Panasiewicz, K., Bandurska, A H., Glowicka-Woloszyn, R. (2014): Seed size effect on yield quantity and quality of maize (*Zea mays* L.) cultivated in south east Baltic region. ZemdirbysteAgriculture, 101(1): 35–40. doi: [0.13080/z-a.2014.101.005](https://doi.org/0.13080/z-a.2014.101.005).
- Sun, J., Gao, J., Wang, Z., Hu, S., Zhang, F., Bao, H., Fan, Y. (2019): Maize Canopy Photosynthetic Efficiency, Plant Growth, and Yield Responses to Tillage Depth. Agronomy, 9(1): 3. doi: [10.3390/agronomy9010003](https://doi.org/10.3390/agronomy9010003).
- Sun, S., Huang, Z., Liu, H., Xu, J., Zheng, X., Xue, J., Li, S. (2023): Response of Grain Yield to Planting Density and Maize Hybrid Selection in High Latitude China-A Multisource Data Analysis. Agronomy, 13(5): 1333. doi: [10.3390/agronomy13051333](https://doi.org/10.3390/agronomy13051333).
- Sundaram, R. M., Naveenkumar, B., Biradar, S. K., Balachandran, S. M., Mishra, B., IlyasAhmed, M., Viraktamath, B. C., Ramesha, M. S., Sarma, N. P. (2008): Identification of Informative SSR Markers Capable of Distinguishing Hybrid Rice Parental Lines and Their Utilization in Seed Purity Assessment. Euphytica, 163(2): 215–224. doi: [10.1007/s10681-007-9630-0](https://doi.org/10.1007/s10681-007-9630-0).
- Supriadi, D., Bimantara, Y. M., Zendrato, Y. M., Widaryanto, E., Kuswanto, K., Waluyo, B. (2024): Assessment of genotype by environment and yield performance of tropical maize hybrids using stability statistics and graphical biplots. PeerJ, 12(1): e18624. doi: [10.7717/peerj.18624](https://doi.org/10.7717/peerj.18624).
- Suranto, S (2002): The early application of electrophoresis of protein in higher plant taxonomy. Biodiversitas 3: 257–262. doi:[10.13057/biodiv/d030207](https://doi.org/10.13057/biodiv/d030207).
- Syafii, M., Cartika, I., Ruswandi, D. (2015): Multivariate analysis of genetic diversity among some maize genotypes under maize-albizia cropping system in Indonesia. Asian Journal Crop Science, 7(4): 244–255. doi: [10.3923/ajcs.2015.244.255](https://doi.org/10.3923/ajcs.2015.244.255).
- Tabaković, M., Simić, M., Dragičević, V., Oro, V., Stanisavljević, R., Brankov, M., Živanović, Lj. (2021): Sowing date as a response to ecological conditions in maize seed production. Chilean Journal of Agricultural Research, 81(4): 481–490. doi: [10.4067/S0718-58392021000400481](https://doi.org/10.4067/S0718-58392021000400481).
- Tajul, M. I., Alam, M. M., Hossain, S. M. M., Naher, K., Rafii, M. Y., Latif, M.A.(2013): Influence of plant population and nitrogen-fertilizer at various levels on growth and growth efficiency of maize. The Scientific World Journal, 1–9. doi: [10.1155/2013/193018](https://doi.org/10.1155/2013/193018).
- Tandzi, L. N., Mutengwa, C. S. (2019): Estimation of maize (*Zea mays* L.) yield per harvest area: Appropriate methods. Agronomy, 10(1): 29 doi: [10.3390/agronomy10010029](https://doi.org/10.3390/agronomy10010029).
- Testa, G., Reyneri, A., Blandino, M. (2016): Maize grain yield enhancement through high plant density cultivation with different inter-row and intra-row spacings. European Journal of Agronomy, 72: 28–37. doi: [10.1016/j.eja.2015.09.006](https://doi.org/10.1016/j.eja.2015.09.006).
- Thayumanavan, S., Kannapiran. S., Annamalai. A. (2009): Genetic divergence analysis for certain yield and quality traits in rice (*Oryza sativa* L.) grown in irrigated saline low land of Annamalainagar, South India. Journal of Central European Agriculture, 10(4): 405–410.
- Timlin, D. J., Fleisher, D. H., Kemanian, A. R., Reddy, V. R. (2014): Plant Density and Leaf Area Index Effects on the Distribution of Light Transmittance to the Soil Surface in Maize. Agronomy Journal, 106(5): 1828. doi: [10.2134/agronj14.0160](https://doi.org/10.2134/agronj14.0160).
- Tommasini, L., Batley, J., Arnold, G. M., Cooke, R. J., Donini, P., Lee, D., Law, J. R., Lowe, C., Moule, C., Trick, M., Edwards, K. J. (2003): The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties. Theoretical and Applied Genetic, 106: 1091–1101. doi: [10.1007/s00122-002-1125-8](https://doi.org/10.1007/s00122-002-1125-8).
- Tollenaar, M., Hunter, R. B. (1983): A photoperiod and temperature sensitive period for leaf number of maize. Crop Science, 23(3): 457–460. doi: [10.2135/cropsci1983.0011183X002300030004x](https://doi.org/10.2135/cropsci1983.0011183X002300030004x).

- Trifunović, V. (1978): Maize production and maize breeding in Europe. in: Walden D.B. (ur.) Maize Breeding and Genetics, New York: Wiley 41–57.
- Tsimba, R., Edmeades, G. O., Millner, J. P., Kemp, P. D. (2013): The effect of planting date on maize grain yields and yield components. *Field Crop Research*, 150, 135–144. doi: [10.1016/j.fcr.2013.05.028](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.05.028).
- Tu, H., Zhang, J. Q. Wang, X. F. (2012): Variation in seed protein within and among species of Cucurbitaby ultrathin-layer isoelectric focusing. *Seed Science and Technology*, 40(1): 113–117. doi: [10.15258/sst.2012.40.1.13](https://doi.org/10.15258/sst.2012.40.1.13).
- Unterseer, S., Bauer, E., Haberer, G., Seidel M., Knaak C., Ouzunova M., Meitinger T., Strom T. M., Fries R., Pausch H., Bertani C., Davassi A., Mayer K. F. K., Schön C. C. (2014): A powerful tool for genome analysis in maize: development and evaluation of the high density 600 k SNP genotyping array. *BMC Genomics*, 15(1): 823. doi: [10.1186/1471-2164-15-823](https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-823)
- UPOV (2009): TG/2/7. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability. International Union for the Protection of New Varieties of Plants, Geneva. Available online: <https://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg002.pdf>.
- UPOV (2019a): TGP/10/2. Examining uniformity. International Union for the Protection of New Varieties of Plants, Geneva. Available online: https://www.upov.int/edocs/tgpdocs/en/tgp_10.pdf.
- UPOV (2019b): TGP/8. Trial design and techniques used in the examination of distinctness, uniformity and stability. International Union for the Protection of New Varieties of Plants, Geneva. Available online: https://www.upov.int/edocs/tgpdocs/en/tgp_8.pdf.
- Urban, D., Guan, K., Jain, M. (2018): Estimating sowing dates from satellite data over the US Midwest: A comparison of multiple sensors and metrics. *Remote Sensing of Environment* 211(12): 400–412. doi:[10.1016/j.rse.2018.03.039](https://doi.org/10.1016/j.rse.2018.03.039).
- Varga, T. A., Călugăr, R. E., Vana, C., Ceclan, L., Racz, I., Tritean N. (2023): Assessment of the Degree of Relatedness of Some Inbred Lines Created at ARDS. *Agronomy*, 13(6): 1505 doi: [10.3390/agronomy13061505](https://doi.org/10.3390/agronomy13061505).
- Varshney, R. K., Graner, A., Sorrells, M. E. (2005): Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends in Biotechnology*, 23(1): 48–55. doi: [10.1016/j.tibtech.2004.11.005](https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2004.11.005)
- Vasile, V., Ciucă, M., Nicolae, E., Voaideş, C., Cornea, C. P. (2022): Assessment of genetic similarity and purity degree among several Romanian maize inbred lines using SSR markers. *Scientific Bulletin. Series F. Biotechnologies*, 26(1): 16–23.
- Vathana, Y., Sa, K. J., Lim, S. E., Lee J. K. (2019): Genetic Diversity and Association Analyses of Chinese Maize Inbred Lines Using SSR Markers. *Plant Breeding and Biotechnology*, 7: 186–199. Doi: [10.9787/PBB.2019.7.3.186](https://doi.org/10.9787/PBB.2019.7.3.186).
- Videnović, Ž., Simić, M., Srdić, J., Dumanović, Z. (2011): Long term effects of different soil tillage systems of maize (*Zea mays* L.) yields. *Plant, Soil and Environment*, 57(4): 186–192. doi: [10.17221/443/2010-PSE](https://doi.org/10.17221/443/2010-PSE).
- Vieira, L. C., Barbosa-Neto, J. F., Guerra, M. P. (2016): Preliminary analysis of maize landraces germplasm from Southern Brazil. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 15, 557-571. doi: [10.18512/rbms.v15i3.510](https://doi.org/10.18512/rbms.v15i3.510)
- Vieira, M. L. C., Santini, L., Diniz, A. L., Munhoz, C. F. (2016): Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39: 312–328. doi: [10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027](https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027).
- Vigouroux, Y., Mitchell, S., Matsuoka, Y., Hamblin, M., Kresovich S., Smith, J. S. C., Jaqueth, J., Smith O. S., Doebley, J. (2005): An Analysis of Genetic Diversity Across the Maize Genome Using Microsatellites. *Genetics*, 169:1617–1630. doi: [10.1534/genetics.104.032086](https://doi.org/10.1534/genetics.104.032086).
- Zamir, M. S. I., Ahmad, A. H., Javeed, H. M. R., Latif, T. (2011): Growth and yield behaviour of two maize hybrids (*Zea mays* L.) towards different plant spacing. *Cercetări Agronomice în Moldova*, 14(2): 33–40. doi: [10.2478/v10298-012-0030-9](https://doi.org/10.2478/v10298-012-0030-9).

- Zhang, W., Wu, S., Wen, W., Lu, X., Wang, C., Gou, W., Li, Y., Guo, X., Zhao, C. (2023). Three-dimensional branch segmentation and phenotype extraction of maize tassel based on deep learning. *Plant Methods*, 19: 76. doi: [10.1186/s13007-023-01051-9](https://doi.org/10.1186/s13007-023-01051-9).
- Zhang, Y., Xu, Z., Li, J., Wang, R. (2021): Optimum Planting Density Improves Resource Use Efficiency and Yield Stability of Rainfed Maize in Semiarid Climate. *Frontiers in Plant Science* 12: 752606. doi: [10.3389/fpls.2021.752606](https://doi.org/10.3389/fpls.2021.752606).
- Zhao, J., Yang, X., Lv, S., Liu, Z., Wang, J. (2014): Variability of available climate resources and disaster risks for different maturity types of spring maize in Northeast China. *Regional Environmental Change*, 14(1): 17–26. doi: [10.1007/s10113-013-0476-9](https://doi.org/10.1007/s10113-013-0476-9).
- Zhao, T., Yan, M., Lu, Y. P., Yang, F., Huang, J., Wang, X. F. (2003): Genetic purity testing of two-line hybrid rice seeds by ultrathin-layer isoelectric focusing of proteins. *Seed Science and Technology*, 33(1): 45–52. doi: [10.15258/sst.2005.33.1.05](https://doi.org/10.15258/sst.2005.33.1.05).
- Zhou, Z., Zhang, C., Zhou, Y., Hao, Z., Wang, Z., Zeng, X., Di, H., Li, M., Zhang, D., Yong, H., Zhang, S., Weng, J., Li, X. (2016): Genetic dissection of maize plant architecture with an ultra-high density bin map based on recombinant inbred lines. *Bmc Genomics*, 17:178. doi: [10.1186/s12864-016-2555-z](https://doi.org/10.1186/s12864-016-2555-z).
- Zhu, L., Chen, J., Li, D., Zhang, J., Huang, Y., Zhao, Y., Song, Z., Liu, Z. (2013): QTL Mapping for stalk related traits in maize (*Zea mays* L.) under different densities. *Journal of Integrative Agriculture*, 12(2): 218–228. doi: [10.1016/S2095-3119\(13\)60221-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60221-X).
- Zhuang, L., Wang, C., Hao, H., Song, W., Guo, X. (2024): Maize Anthesis-Silking Interval Estimation via Image Detection under Field Rail-Based Phenotyping Platform. *Agronomy*, 14(8): 1723. doi: [10.3390/agronomy14081723](https://doi.org/10.3390/agronomy14081723).
- Zimmer, E. A., Wen, J. (2015): Using nuclear gene data for plant phylogenetics: Progress and prospects II. Next-gen approaches. *Journal of Systematics and Evolution*, 53(5): 371–379. doi: [10.1111/jse.12174](https://doi.org/10.1111/jse.12174).
- Živanović, Lj., Nedić, M., Kolarić, Lj. , Simić, A. (2004): Uticaj gustine useva na prinos i sadržaj vlage u zrnu hibrida kukuruza. *Arhiv za poljoprivredne nauke*, 65(2): 61–70.
- Živanović, Lj., Nenadić, N., Nedić, M., Kolarić, Lj. (2006): Uticaj gustine useva na prinos zrna hibrida kukuruza različitih grupa zrenja. *Zbornik naučnih radova Instituta PKB Agroekonomik*, 12(1–2): 39–46.
- Živanović, T., Vračarević, M., Krstanović, S., Šurlan-Momirović, G. (2004): Selection on Uniformity and Yield Stability in Maize. *Journal of Agricultural Sciences*, 49(1): 117–130. doi: [10.2298/JAS0401117Z](https://doi.org/10.2298/JAS0401117Z).
- Quarrie, S., Quarrie, S. P., Radosevic, R., Rancic, D., Kaminska, A., Barnes, J. D., Leverington, M., Ceoloni, C., Dodig, D. (2006): Dissecting a wheat QTL for yield present in a range of environments: from the QTL to candidate genes. *Journal of experimental botany*, 57(11): 2627–2637. doi: [10.1093/jxb/erl026](https://doi.org/10.1093/jxb/erl026)
- Walne, C. H., Reddy, R. K. (2022): Temperature effects on the shoot and root growth, development, and biomass accumulation of corn (*Zea mays* L.). *Agriculture*, 12(4): 1–21. doi: [10.3390/agriculture12040443](https://doi.org/10.3390/agriculture12040443).
- Wang, Y., Bao, J., Wei, X., Wu, S., Fang, C., Li, Z., Qi, Y., Gao, Y., Dong, Z., Wan, X. (2022): Genetic Structure and Molecular Mechanisms Underlying the Formation of Tassel, Anther, and Pollen in the Male Inflorescence of Maize (*Zea mays* L.). *Cells*, 11(11): 1753. doi: [10.3390/cells11111753](https://doi.org/10.3390/cells11111753).
- Wang, Y. Y., Liu, X. L., Hou, X. F., Sheng, D. C., Dong, X., Gao, Y. B., Wang, P., Huang, S. B. (2021): Maximum lethal temperature for flowering and seed set in maize with contrasting male and female flower sensitivities. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 207(4): 679–689. doi: [10.1111/jac.12506](https://doi.org/10.1111/jac.12506).
- Wang, Y. Y., Lv, X. L., Sheng, D. C., Hou, X., Mandal, S., Liu, X., Zhang, P., Shen, S., Wang, P., Jagadish, S. V. K., Huang, S. (2023): Heat-dependent postpollination limitations on maize pollen tube growth and kernel sterility. *Plant, Cell & Environment*, 46(12): 3822–3838. doi: [10.1111/pce.14702](https://doi.org/10.1111/pce.14702).

- Wang, R., Wang, H., Huang, S., Zhao, Y., Chen, E., Li, F., Qin, L., Yang, Y., Guan, Y., Liu, B., Zhang, H. (2023): Assessment of yield performances for grain sorghum varieties by AMMI and GGE biplot analyses. *Frontiers in Plant Science* 14: 1261323. doi: [10.3389/fpls.2023.1261323](https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1261323).
- Wang, X. F., Knoblauch, R., Leist, N. (2000): Varietal discrimination of tomato (*Lycopersicon esculentum* L.) by ultrathin-thin layer isoelectric focusing of seed protein. *Seed Science and Technology*, 28(2): 521–526.
- Waqas, M. A., Wang, X., Zafar, S. A., Noor, M. A., Hussain, H. A., Azher, N. M., Farooq, M. (2021): Thermal Stresses in Maize: Effects and Management Strategies. *Plants (Basel)*, 10(2): 293. doi: [10.3390/plants10020293](https://doi.org/10.3390/plants10020293).
- Warburton, M. L., Setimela, P., Franco, J., Cordova, H., Pixley, K., Bänziger, M., Dreisigacker, S.; Bedoya, C., Macrobert, J. (2010): Toward a cost-effective fingerprinting methodology to distinguish maize open-pollinated varieties. *Crop Science*, 50(2): 467–477. doi: [10.2135/cropsci2009.02.0089](https://doi.org/10.2135/cropsci2009.02.0089).
- Wart, J., Bussel, L. G. J., Wolf, J., Licker, R., Grassini, P., Nelson, A., Boogaard, H., Gerber, J., Mueller, N. D., Claessens, L., van Ittersum, M. K., Cassman, K. G. (2013): Use of agro-climatic zones to upscale simulated crop yield potential. *Field Crops Research*, 143:44–55. doi: [10.1016/j.fcr.2012.11.023](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2012.11.023).
- Weising, K., Nybom, H., Wolff, K., Kahl G. (2005): *DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods, and Applications*, Second Edition (2nd ed.). CRC Press, Boca Raton 472 pp. doi: [10.1201/9781420040043](https://doi.org/10.1201/9781420040043).
- Wendwessen, T. (2023): Cluster and principal component analysis of maize inbred lines in low moisture stress areas in Ethiopia. *International Journal of Agricultural Science and Food Technology*, 9(3): 059–063. doi: [10.17352/2455-815X.000194](https://doi.org/10.17352/2455-815X.000194).
- Waqas, M. A., Wang, X., Zafar, S. A., Noor, M. A., Hussain, H. A., Azher, N. M., Farooq, M. (2021): Thermal Stresses in Maize: Effects and Management Strategies. *Plants (Basel)*, 10(2): 293. doi: [10.3390/plants10020293](https://doi.org/10.3390/plants10020293).
- Xia, X. C., Reif, J. C., Melchinger, A. E., Frisch, M., Hoisington, D. A., Beck, D., Pixley, K., Warburton, M. L. (2005): Genetic diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: II. Subtropical, tropical midaltitude, and highland maize inbred lines and their relationships with elite US and European maize. *Crop Science*, 45(6): 2573–2582. doi: [10.2135/cropsci2005.0246](https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0246).
- Xu, B., Wan, X., Yang, H., Feng, H., Fu, Y.; Cen, H., Wang, B., Zhang, Z., Li, S., Zhao, C. (2023): A three-dimensional phenotypic measurement system for individual maize tassel based on TreeQSM. *Computers and Electronics Agriculture*, 212: 108150. doi: [10.1016/j.compag.2023.10815](https://doi.org/10.1016/j.compag.2023.10815).
- Xu, G., Wang, X., Huang, C., Xu, D., Li, D., Tian, J., Chen, Q., Wang, C., Liang, Y., Wu, Y., Yang, X., Tian, F. (2017): Complex genetic architecture underlies maize tassel domestication. *New Phytologist*, 214(2): 852–864. doi: [10.1111/nph.14400](https://doi.org/10.1111/nph.14400).
- Xu, H., Ming, B., Wang, K., Xue, J., Hou, P., Li, S., Xie, R. (2023): The effects of photoperiod and temperature-related factors on maize leaf number and leaf positional distribution in the field. *Front Plant Science*, 14: 1006245. doi: [10.3389/fpls.2023.1006245](https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1006245).
- Xu, X., Bai, G. (2015): Whole-genome resequencing: Changing the paradigms of SNP detection, molecular mapping and gene discovery. *Molecular Breeding*, 35(1): 33. doi: [10.1007/s11032-015-0240-6](https://doi.org/10.1007/s11032-015-0240-6).
- Yadav, V. K., Singh, I. S. (2010): Comparative evaluation of maize inbred lines (*Zea Mays* L.) according to DUS testing using morphological, physiological and molecular markers. *Agricultural Sciences*, 1(5): 131–142. doi: [10.4236/as.2010.13016](https://doi.org/10.4236/as.2010.13016).
- Yamagata, H., Sugimoto, T., Tanaka, K., Kasai, Z. (1982): Biosynthesis of storage proteins in developing rice seeds. *Plant Physiology*, 70, 1094–1100. doi: [10.1104/pp.70.4.1094](https://doi.org/10.1104/pp.70.4.1094).
- Yan, M. (2013): Genetic purity testing of pumpkin hybrid seed by ultrathin-layer isoelectric focusing. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13(3): 200–202. doi: [10.1590/S1984-70332013000300008](https://doi.org/10.1590/S1984-70332013000300008).

- Yang, H. W.; Chai, Q.; Yin, W.; Hu, F. L.; Qin, A. Z.; Fan, Z. L.; Yu, A. Z.; Zhao, C.; Fan, H. (2022): Yield photosynthesis and leaf anatomy of maize in inter- and mono-cropping systems at varying plant densities. *The Crop Journal*, 10(3): 893–903. doi: [10.1016/j.cj.2021.09.010](https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.09.010).
- Yang, H., Zhang, Z., Zhang, N., Li, T., Wang, J., Zhang, Q., Xue, J., Zhu, W., Xu, S. (2024): QTL mapping for plant height and ear height using bi-parental immortalized heterozygous populations in maize. *Frontiers in Plant Science*, 15: 1371394. doi: [10.3389/fpls.2024.1371394](https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1371394).
- Yi, Q., Liu, Y., Zhang, X., Hou, X., Zhang, J., Liu, H., Hu, Y., Yu, G., Huang, Y. (2018): Comparative mapping of quantitative trait loci for tassel-related traits of maize in F2:3 and RIL populations. *Journal of Genetics*, 97(1): 253–266. doi: [10.1007/s12041-018-0908-x](https://doi.org/10.1007/s12041-018-0908-x).
- You, Q., Yang, X., Peng, Z., Xu, L., Wang, J. (2018): Development and applications of a high throughput genotyping tool for polyploid crops: Single nucleotide polymorphism (SNP) Array. *Frontiers in Plant Science*, 9: 104. doi: [10.3389/fpls.2018.00104](https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00104).

IX

BIOGRAFIJA

Anika Kovinčić je rođena 02.01.1976. u Sjenici. Osnovnu školu je završila u Lajkovcu, a gimnaziju u Lazarevcu. Diplomirala je na Poljoprivrednom fakultetu Univerziteta u Beogradu 2007., na odseku za ratarstvo i povrtarstvo i time stekla zvanje diplomirani inženjer poljoprivrede.

Godine 2008. zasniva radni odnos u Institutu za kukuruz „Zemun Polje“, na poslovima Mlađi istraživač u Grupi za selekciju soje. Od 2010. godine radi na Odeljenju za osnovno seme na poslovima Mlađi referent, a od 2016. godine na poslovima Samostalni referent za proizvodnju osnovnog semena. Od 2023. godine u zvanju Viši stručni saradnik radi na Odeljenju za transfer tehnologija.

Master akademske studije upisuje školske 2012/2013. godine na Poljoprivrednom fakultetu Univerziteta u Beogradu, modul ratarstvo i povrtarstvo i završava 2015. sa prosečnom ocenom 10 i ocenom 10 iz master rada „Dinamika otpuštanja vode i nakupljanja fosfora tokom nalivanja zrna kukuruza“.

Zvanje istraživač pripravnik je stekla 2015. godine, a Istraživač saradnik 2016. godine.

Doktorske akademske studije na Poljoprivrednom fakultetu Univerziteta u Beogradu smer: Poljoprivredne nauke, modul ratarstvo i povrtarstvo, upisala je školske 2015/2016 godine.

Bila je član sekretarijata VII naučno – stručnog simpozijuma iz selekcije i semenarstva Republike Srbije održanog u Vršcu 30. Maj- 02. Jun 2012.

Kao autor i koautor je do sada objavila 29 naučnih radova u domaćim i međunarodnim časopisima i koautor je dva priznata hibrida kukuruza na nacionalnom nivou. Član je Društva genetičara Srbije i Društva selekcionera i semenara Srbije.

Udata je i majka je jednog deteta. Govori, čita i piše engleski jezik i služi se ruskim jezikom.

Izjava o autorstvu

Ime i prezime autora: Anika R. Kovinčić

Broj indeksa: **150008**

Izjavljujem

Da je doktorska disertacija pod naslovom

„Agro-morfološka karakterizacija i procena genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza”

- rezultat sopstvenog istraživačkog rada;
- da disertacija u celini ni u delovima nije bila predložena za sticanje druge diplome prema studijskim programima drugih visokoškolskih ustanova;
- da su rezultati korektno navedeni i
- da nisam kršila autorska prava i koristila intelektualnu svojinu drugih lica.

Potpis autora

U Beogradu, _____

Izjava o istovetnosti štampane i elektronske verzije doktorskog rada

Ime i prezime autora: **Anika R. Kovičić**

Broj indeksa: **150008**

Studijski program: Poljoprivredne nauke, modul Ratarstvo i povrtarstvo

Naslov rada: **„Agro-morfološka karakterizacija i procena genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza“**

Mentori: dr Tomislav Živanović, red. profesor, Poljoprivrednog Fakulteta u Zemunu i dr Ksenija Marković, viši naučni saradnik, Institut za kukuruz “Zemun Polje”

Izjavljujem da je štampana verzija mog doktorskog rada istovetna elektronskoj verziji koju sam predala radi pohranjenja u **Digitalnom repozitorijumu Univerziteta u Beogradu**.

Dozvoljavam da se objave moji lični podaci vezani za dobijanje akademskog naziva doktora nauka, kao što su ime i prezime, godina i mesto rođenja i datum odbrane rada.

Ovi lični podaci mogu se objaviti na mrežnim stranicama digitalne biblioteke, u elektronskom katalogu i u publikacijama Univerziteta u Beogradu.

Potpis autora

U Beogradu, _____

Izjava o korišćenju

Ovlašćujem Univerzitetsku biblioteku “Svetozar Marković” da u Digitalni repozitorijum Univerziteta u Beogradu unese moju doktorsku disertaciju pod naslovom: “Agro-morfološka karakterizacija i procena genetičke uniformnosti inbred linija kukuruza” koja je moje autorsko delo.

Disertaciju sa svim priložima predala sam u elektronskom formatu pogodnom za trajno arhiviranje.

Moju doktorsku disertaciju pohranjenu u Digitalnom repozitorijumu Univerziteta u Beogradu i dostupnu u otvorenom pristupu mogu da koriste svi koji poštuju odredbe sadržane u odabranom tipu licence Kreativne zajednice (Creative Commons) za koju sam se odlučila.

1. Autorstvo (CC BY)
2. Autorstvo – nekomercijalno (CC BY-NC)
- ☒ 3. Autorstvo – nekomercijalno – bez prerada (CC BY-NC-ND)
4. Autorstvo – nekomercijalno – deliti pod istim uslovima (CC BY-NC-SA)
5. Autorstvo – bez prerada (CC BY-ND)
6. Autorstvo – deliti pod istim uslovima (CC BY-SA)

Potpis autora

U Beogradu, _____

1. **Autorstvo.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, i prerade, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence, čak i u komercijalne svrhe. Ovo je najslobodnija od svih licenci.

2. **Autorstvo – nekomercijalno.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, i prerade, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence. Ova licenca ne dozvoljava komercijalnu upotrebu dela.

3. **Autorstvo – nekomercijalno – bez prerada.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, bez promena, preoblikovanja ili upotrebe dela u svom delu, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence. Ova licenca ne dozvoljava komercijalnu upotrebu dela. U odnosu na sve ostale licence, ovom licencom se ograničava najveći obim prava korišćenja dela.

4. **Autorstvo – nekomercijalno – deliti pod istim uslovima.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, i prerade, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence i ako se prerada distribuira pod istom ili sličnom licencom. Ova licenca ne dozvoljava komercijalnu upotrebu dela i prerada.

5. **Autorstvo – bez prerada.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, bez promena, preoblikovanja ili upotrebe dela u svom delu, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence. Ova licenca dozvoljava komercijalnu upotrebu dela.

6. **Autorstvo – deliti pod istim uslovima.** Dozvoljavate umnožavanje, distribuciju i javno saopštavanje dela, i prerade, ako se navede ime autora na način određen od strane autora ili davaoca licence i ako se prerada distribuira pod istom ili sličnom licencom. Ova licenca dozvoljava komercijalnu upotrebu dela i prerada. Slična je softverskim licencama, odnosno licencama otvorenog koda.