

## **STUDIUL GRADULUI DE ÎNRUDIRE/DIFERENȚIERE LA UNELE LINII CONSANGVINIZATE DE PORUMB CREATE LA S.C.D.A. TURDA**

### **THE STUDY OF THE DEGREE OF SIMILARITY/DIVERSITY TO SOME MAIZE INBRED LINES CREATED AT ARDS TURDA**

ANDREI VARGA<sup>1,2</sup>), VOICHIȚA HAȘ<sup>1)</sup>, ROXANA CĂLUGĂR<sup>1,2)</sup>,  
CARMEN VANA<sup>1)</sup>, ANA COPÂNDEAN<sup>1)</sup>, IOAN HAȘ

#### **Abstract**

Knowledge of germplasm diversity and of relationships among elite breeding germplasm has a significant impact on the improvement of crop plants. The paper aims to assess the degree of similarity/diversity of a set of inbred lines created from Tu SRR Comp. A (Comp. B) and Tu SRR Comp. B (Comp. A), by different methods: pedigree information, morphological traits, additive effects correlations and phenotypic heterosis (H %) for yield capacity and main elements of productivity.

The germplasm used in this study consisted of 8 inbred lines; four of them were derived from Tu SRR Comp. A (Comp. B) and 4 inbred lines were released from Tu SRR Comp. B (Comp. A). They were crossed using a diallel system p(p-1)/2. Both parental lines and crosses were studied at the Station of Agriculture Research and Development Turda (ARDS Turda), during 2013-2014.

The most reduced rate of heterosis of below 25% was registered to the combination of lines TC 398 x TC 385 (Tu SRR Comp. B (Comp. A)), and this shows that the two lines are genetic similarity. The maximum value of heterosis (over 180%) was recorded at F1 hybrids between (TA 422 x TC 399) (TA 422 was created from Comp. A, respectively TC 399 from Comp. B), the two inbred lines belonging to different heterotic groups.

**Cuvinte cheie:** gradul de înrudire, linii consangvinizate, heterozis.

**Key words:** degree of relatedness, inbred lines, heterosis.

#### **INTRODUCERE**

Istoricul celor două populații composite Tu SRR Comp. A (Comp. B) și Tu SRR Comp. B (Comp. A) începe în anul 1985, când s-a luat hotărârea de a se constitui două composite pe baza modelului heterotic B73 x Mo17 (Haș I., comunicare personală).

Combinăția hibridă B73 x Mo17 și variantele ei (mai timpurii sau mai tardive) au ocupat la sfârșitul secolului XX mai mult de 60% din suprafața cultivată cu porumb în Cordonul porumbului din Statele Unite ale Americii (Troyer, 2004; Hadi, 2004; Hallauer, 2003; Haș, 2004, Sarcă, 2004).

<sup>1</sup> Facultatea de Agricultură, Universitatea de Științe Agricole și Medicină Veterinară Cluj-Napoca, Strada Mănăstur, nr 3-5, 400372 Cluj-Napoca. E-mail: andrei\_varga06@yahoo.com

<sup>2</sup> Stațiunea de Cercetare-Dezvoltare Agricolă Turda, Strada Agriculturii, nr. 27, 401100 Turda.

Din acest motiv s-a considerat util să se realizeze două populații composite, având ca bază liniile tardive B73 (pentru Comp. A), respectiv Mo 17 și C 103 (pentru Comp. B). Linia B 73 face parte din grupa de germoplasma Stiff Stalk Synthetic, iar liniile Mo 17 și C 103 fac parte din grupa de germoplasmă Lancaster Sure Crop.

Pentru Tu SRR Comp. A (Comp.B) s-au mai ales ca forme parentale A 632, CM 105, TB 329 și T 291, iar pentru Tu SRR Comp.B (Comp. A) pe lângă cele două linii consangvinizate din Lancaster Sure Crop s-au utilizat ca linii forme componente T 248, W 633 și TC 208.

Având în vedere baza genetică a celor două populații, s-a apreciat că acestea pot fi considerate din grupuri heterotice diferite, respectiv din SSS și non-SSS. După Hallauer și Carena (2009), conceptul de grupuri heterotice este diferit de conceptul de modele heterotice. În schimb, grupurile heterotice sunt realizate, de cele mai multe ori, pe baza cunoștințelor cu privire la gradul de înrudire între liniile consangvinizate; ele nu sunt identificate pe bază de studii de genetică cantitativă sau prin simulare matematică (Hallauer și Carena, 2009; Hallauer și colab., 2010).

Este necesar ca grupurile heterotice complementare care se constituie să aibă în componență germoplasmă astfel încât prin încrucișarea liniilor extrase să producă hibridi mai performanți decât dacă încrucișarea s-ar fi făcut în interiorul grupei heterotice. Evoluția grupelor heterotice trebuie avută în vedere prin acumulările de gene favorabile fixate (efecte aditive), în fiecare din cele două populații composite și de a putea valorifica, prin încrucișări, efectele non-aditive (Haș, 2004). În prezent, se utilizează ca bază de referință pentru acest tip de selecție și îmbunătățire a germoplasmei pentru crearea liniilor consangvinizate, grupurile heterotice din materiale BSSS și non-BSSS (Mikel și Dudley, 2006).

Pentru stabilirea relațiilor dintre diverse surse de germoplasmă și a diversității genetice a liniilor consangvinizate s-au utilizat diferite metode:

- **metoda pedigree-ului** oferă informații referitoare la proveniența genealogică a materialului inițial de selecție (Smith, 1988; Smith și colab., 1990);
- **caracterele morfologice dintre genitori** pot constitui un prim indicator al diversității genetice și o sursă de realizare a heterozisului (Smith, 1988; Smith și Smith, 1992; Haș V. și colab., 2002; Copândean și Căbulea, 2004);
- **metoda genetică** are ca element discriminatoriu nivelul de heterozis pentru producția de boabe, realizat în încrucișări sistemice de tip topcross sau dialel. Acest procedeu simplu în utilizare este mai adecvat, corespunde obiectivelor de selecție și este adesea practicat de către amelioratori (Bernardo, 1996; Gribencea și Partas, 1998; Musteață și Mistreț, 2002; Copândean și Căbulea, 2004).
- **tehnologiile moleculare** pe bază de amprentare de ADN s-au dovedit a fi utile în studiile de similaritate genetică pe bază de PCR, RAPDs, SSR și AFLPs (Smith și Smith, 1987; Melchinger, 1993; Smith și colab., 1997; Pajic și colab., 1998; Senior și colab., 1998; Șuteu și colab., 2013).

Obiectivul acestui studiu a fost evaluarea relației de înrudire și/sau a diversității genetice între opt linii consangvinizate create la S.C.D.A. Turda, utilizând metode specifice:

- metode fenotipice, bazate pe analize biometrice;
- metode genetice bazate pe: analiza pedigree, corelații la nivelul parametrilor genetici și intensitatea manifestării heterozisului fenotipic.

### MATERIALUL ȘI METODA DE CERCETARE

Pentru realizarea obiectivului menționat au fost folosite 8 linii consangvinizate, 4 linii obținute din Tu SRR Comp. A (Comp. B) aparținând grupei de germoplasmă BSSS și 4 linii derivate din Tu SRR Comp. B (Comp. A) aparținând grupei de germoplasmă Lancaster.

*Tabelul 1*

**Linii consangvinizate folosite în studiu**  
(Inbred lines used in the study)  
**S.C.D.A.Turda, 2012-2013**

Nr.crt.	Linia consangvinizată	Originea	Genealogia
Linii din grupa BSS			
1.	TD 337	Sel. Turda CompA	H-8-1-2
2.	TA 426	Sel. Turda CompA	H20-2-4-
3.	TA 428	Sel. Turda CompA	H33-1-2-
4.	TA 422	Sel. Turda CompA	6088-1-1
Linii din grupa Lancaster			
5.	TC 385 A	Sel. Turda CompB	H60-1-1-
6.	TC 384 A	Sel. Turda CompB	H46A-1-2-
7.	TC 398	Sel. Turda CompB	H77-6-7-
8.	TC 399	Sel. Turda CompB	H84-6-7-

Materialul biologic utilizat a fost reprezentat de 28 hibrizi simpli F1 realizați în cadrul unui sistem de încrucișări dialele de tipul  $(4) p(p-1)/2$  (Căbulea, 1975) și cele 8 linii consangvinizate luate în studiu.

Experimentarea în câmp a hibrizilor și liniilor s-a efectuat la Stațiunea de Cercetare-Dezvoltare Agricolă Turda, în anii 2013-2014, pe parcele de 7,0 m<sup>2</sup>, după modelul blocurilor randomizate în 4 repetiții la densitatea de 60.000 plante/ha, completat de descompunerile ortogonale.

La calcularea heterozisul au fost folosite datele producției de boabe. Evidențierea legăturilor de înrudire între linii s-a efectuat prin estimarea heterozisului cu ajutorul formulei clasice:

$$H = [F_1 - (P_1 + P_2) / 2] / [(P_1 + P_2) / 2] \times 100$$

unde:

H = exprimarea procentuală a heterozisului;

$F_1$  = producția la generația hibridă;

$(P_1+P_2)/2$  = valoarea medie a producției la formele parentale.

Condițiile climatice din perioada mai-septembrie în cei doi ani de experimentare (2013-2014) au fost diferite. Anul 2014 a fost mai favorabil culturii porumbului, urmare a unui regim excedentar de precipitații, iar termic normal în lunile iunie, iulie și august. Anul 2013 a fost normal din punct de vedere al precipitațiilor în perioada de vegetație a porumbului, dar cu mențiunea ca în luna iulie s-a înregistrat un deficit de precipitații de 39,1 mm ceea ce a influențat procesul de polenizare precum și producția de boabe. Mai mult, în ceea ce privește temperatura în anul 2013 a fost un an călduros pe toată perioada de vegetație a porumbului în comparație cu valorile normale.

În vederea stabilirii factorilor implicați în exprimarea caracterelor s-a folosit analiza varianțelor și descompunerea ortogonală a varianței variantelor în componentele sale.

Varianța hibridilor a fost descompusă (după Haș I. și colab., 2010) în:

- varianța hibridilor cu forme parentale din Tu SRR Comp. A (Comp.B);
- varianța hibridilor cu forme parentale din Tu SRR Comp. B (Comp.A);
- varianța hibridilor cu forme parentale din Tu SRR Comp. A (Comp.B) x Tu SRR Comp. B (Comp.A);
- comparare grupe hibridi.

## REZULTATE ȘI DISCUȚII

Din analiza genealogiei celor opt linii consangvinizate luate în studiu (tabelul 1) se observă că deși au aceeași origine (pedigree), ele fac parte din familii diferite. Familiile s-au diferențiat în cursul procesului de stabilizare, prin selecția pentru anumite caractere fenotipice.

Analiza caracterelor fenotipice ale liniilor consangvinizate luate în studiu este prezentată în tabelul 2. Se poate observa existența unor diferențe semnificative între cele două grupe de linii în privința numărului de rânduri de boabe pe știulete (18,2 față de 13,7), lungimea știuletelui (14,6 comparativ cu 16,1 cm), masa a 1000 boabe, precum și înălțimea plantelor. Între liniile obținute din Tu SRR Comp.A (Comp. B) există o variabilitate mai mare pentru cele trei caractere decât în cazul liniilor al căror material inițial l-a constituit Tu SRR Comp. B (Comp. A), ceea ce sugerează heterogenitatea mai consistentă a compositului Tu SRR Comp. A (Comp. B).

Analiza varianțelor pentru producția de boabe și masa a 1000 de boabe (tabelul 3) relevă efectul semnificativ al anilor în exprimarea producției hibridilor, atât al celor rezultați din încrucișarea liniilor din grupul A sau B, cât și al celor din celelalte grupe experimentate. Prin descompunerile ortogonale s-a reușit punerea în evidență a diferențelor semnificative existente atât între hibridii realizați între linii din același grup, cât și a hibridilor obținuți între liniile din grupe diferite. Se remarcă diferențele foarte semnificativ negative pentru producția de boabe existente între hibridii [(AxA) – (AxB)]

și [(BxB) – (AxB)]. În cazul MMB sunt foarte semnificativ negative chiar și diferențele între hibridii obținuți prin încrucișarea liniilor din aceeași grupă [(AxA) – (BxB)].

Tabelul 2

**Unele caractere *per se* ale celor opt linii luate în studiu**  
 (Some *per se* traits of the eight studied inbred lines)  
**S.C.D.A. Turda, 2012-2013**

Denumirea liniei	MMB		Nr. rânduride boabe		Lungimea știuletelui	
	g	± M1	nr.	± M1	cm	± M1
TD 337	214	3	16,0	-2,2 <sup>ooo</sup>	15,8	1,2**
TA 426	219	8	20,8	2,6***	14,6	0
TA 428	256	45***	18,4	0,2	13,5	-1,1 <sup>o</sup>
TA 422	153	-58 <sup>ooo</sup>	17,4	-0,8 <sup>o</sup>	14,4	-0,2
Media - M1	211		18,2		14,6	
	g	± M2	Nr.	± M2	cm	± M2
TC 385A	259	1	13,5	-0,2	16,8	0,7
TC 384A	278	20*	13,9	0,2	15,3	-0,8
TC 398	232	-26 <sup>oo</sup>	15,2	1,5***	16,4	0,3
TC 399	264	6	12,2	-1,5 <sup>ooo</sup>	16,0	-0,1
Media - M2	258		13,7		16,1	
M1 - M2	- 47,8		4,5		-1,6	
Semnif.	ooo		***		ooo	
DL (P=0,05%)	16		0,7		0,9	
(P=0,01%)	22		0,9		1,2	
(P=0,001%)	28		1,2		1,5	

\*<sup>(o)</sup>, \*\*<sup>(oo)</sup>, \*\*\*<sup>(ooo)</sup> -semnificativ la nivelul de P=0,05; P=0,01 și, respective, P=0,001.

Tabelul 3

**Analiza varianțelor și a mediilor pentru producția de boabe cu 15,5 % umiditate și masa a 1000 boabe la hibridii grupați după originea liniilor consanguinizate – forme parentale**

[Analysis of variances for grain yieldwith 15.5 moisture and thousand kernel weight (TKW) averages of the hybrids grouped by the origin of their parental inbred lines]

**S.C.D.A. Turda, 2013-2014**

Cauza variabilității	GL	Producția de boabe (U = 15,5%)		Masa a 1000 boabe (MMB)	
		kg/ha		g	
		Media	s <sup>2</sup>	Media	s <sup>2</sup>
Total	223				
Ani (A)	1		1186168000**		313382,1**
Repetiții	3				
Eroare (A)	3		1605604		612,82
Hibridi	27		11012990**		5584,06**
1. Hibridi realizați cu linii A x linii A (AxA) <sup>a</sup>	(5)	7782,85	584069,2**	239,64	3446,54**
2. Hibridi realizați cu linii B x linii B (BxB) <sup>b</sup>	(5)	8270,0	5111445,6**	298,36	1567,96**
3. Hibridi realizați cu linii A x linii B (AxB)	(15)	9433,09	1401067,8**	261,01	450,8**
Comparații grupe hibridi: (AxA), (BxB), (AxB)	(2)				
Comparații hibridi: (AxA) cu (BxB)			-487,15		-58,71 <sup>ooo</sup>

(AxA) cu (AxB)		-1650,24 <sup>000</sup>		-21,37 <sup>o</sup>	
(BxB) cu (AxB)		-1163,09 <sup>00</sup>		37,34 <sup>000</sup>	
Ani x Hibrizi	27		1970263,0**		1068,43**
Eroare (H)	162		582827,96		444,04
DL (P5%)		777,42		20,85	
DL (P1%)		995,90		27,49	
DL (P 0.1%)		1282,18		35,39	

<sup>a</sup>Linii A obținute din SRR - Comp.A – Grupa BSSS; <sup>b</sup>Linii B obținute din SRR - Comp.B – Grupa Lancaster  
<sup>\*</sup>(<sup>o</sup>) <sup>\*\*</sup>(<sup>00</sup>) <sup>\*\*\*</sup>(<sup>000</sup>)-semnificativ la nivelul de P=0,05, P=0,01 și, respective, P=0,001

Analiza varianțelor pentru numărul de rânduri/știulete și numărul de boabe/rând (tabelul 4) relevă prezența unor diferențe distinct semnificative, pentru ambele caractere, în cadrul fiecăreia din grupele de hibrizi comparați. Prin comparațiile ortogonale observăm faptul că hibrizii realizați între liniile din grupa A sunt foarte semnificativ superiori în privința numărului de rânduri de boabe pe știulete, atât față de hibrizii obținuți prin încrucișarea între liniile din grupa B, cât al celor realizați prin încrucișarea liniilor din ambele grupe (AxB). Și în cazul acestor caractere influența anilor experimentali a fost distinct semnificativă.

Tabelul 4

**Analiza varianțelor și a mediilor pentru numărul de rânduri/știulete și numărul de boabe /rând la hibrizii grupați după originea liniilor consangvinizate – forme parentale**

(Variance analysis of and number of rows/ear and number of kernels/ rows averages for the hybrids grouped by the origin of their parental inbred lines)

S.C.D.A. Turda, 2013-2014

Cauza variabilității	GL	Nr. rânduri/știulete		Numar boabe/rând	
		Media	s <sup>2</sup>	Media	s <sup>2</sup>
Total	223				
Ani	1		50,35**		145,93**
Repetiții	3				
Eroare (A)	3		0,34		4,19
Hibrizi	27		28,53**		60,20**
1. Hibrizi realizați cu linii A x linii A (AxA) <sup>a</sup>	(5)	18,74	7,75**	39,84	7,44
2. Hibrizi realizați cu linii B x linii B (BxB) <sup>b</sup>	(5)	14,43	12,04**	39,78	70,34**
3. Hibrizi realizați cu linii A x linii B (AxB)	(15)	16,88	14,79**	42,49	56,05**
Comparații grupe hibrizi: (AxA), (BxB),(AxB)	(2)				
Comparații hibrizi: (AxA) cu (BxB)		4,31 <sup>***</sup>		-2,65 <sup>o</sup>	
(AxA) cu (AxB)		1,86 <sup>***</sup>		-2,65 <sup>o</sup>	
(BxB) cu (AxB)		- 2,45 <sup>000</sup>		-2,71 <sup>o</sup>	
Ani x Hibrizi	27		1,61**		9,27**
Eroare (H)	162		0,475		5,79
DL (P5%)		0,68		2,38	
DL (P1%)		0,90		3,14	
DL (P 0,1%)		1.16		4,04	

<sup>a</sup>Linii A obținute din SRR-Comp.A – Grupa BSSS; <sup>b</sup>Linii B obținute din SRR Comp.B – Grupa Lancaster  
<sup>\*</sup>(<sup>o</sup>) <sup>\*\*</sup>(<sup>00</sup>) <sup>\*\*\*</sup>(<sup>000</sup>)-semnificativ la nivelul de P=0,05, P=0,01 și, respective, P=0,001

Din calculul heterozisului pentru producția de boabe (figura 1) la hibridii F1 obținuți între linii provenite din compositul Tu SRR Comp. A se poate observa că valorile mai mici ale heterozisului de sub 70% s-au înregistrat la combinațiile TA 426 x TA 428 și TD 337 x TA 426; după gruparea liniilor pe baza heterozisului putem afirma că cele trei linii sunt genetic apropiate (după Musteață și Mistreț, 2002).

În cazul combinațiilor TD 337 x TA 428, TA 426 x TA 422 și TA 428 x TA 422, procentul heterozisului este între 70-90, încadrându-se în grupa liniilor genetic îndepărtate, chiar dacă liniile provin din același composit. La încrucișările între liniile din grupe diferite (AxB) rezultă hibridi cu un heterozis mai mare de 70%.

Heterozisul ridicat, de 120%, s-a înregistrat chiar și în cazul unei încrucișări dintre TD 337 x TA 428, ambele linii fiind obținute din compositul Tu SRR Comp A. Datorită acestui fapt putem să afirmăm că liniile sunt îndepărtate genetic (chiar și fenotipic conform datelor din tabelul 2), deși provin din același composit.

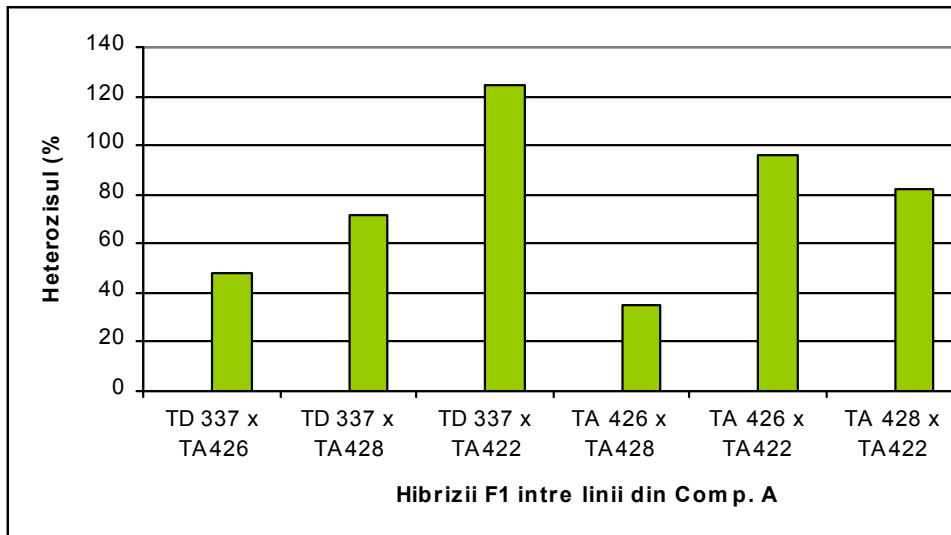


Figura 1 – Heterozisului (%) pentru producția de boabe la hibridii F 1 între linii din Tu SRR Comp. A (Comp. B), în perioada 2013-2014

[The calculation of of heterosis (%) for grain yield at F1 hybrids between lines Tu SRR Comp. A (Comp B) during 2013-2014]

Gruparea liniilor pe baza heterozisului:

- 1) similare – H% < 30%;
  - 2) genetic apropiate – H% = 30-70%;
  - 3) genetic îndepărtate – H% = 70-90%;
  - 4) din grupe alternative – H% > 90%
- (după M u s t e a ț ă și M i s t r e ț , 2009, citat de B r u m ă , 2012)

Din calculul heterozisului pentru producția de boabe (figura 2) la hibridi F1 obținuți între linii provenite din compositul Tu SRR Comp. B, se poate observa că valorile mai mici ale heterozisului de sub 70% s-au înregistrat la combinațiile TC 385 A x TC 384 A, TC 384 A x TC 399, TC 385 A x TC 398 și TC 384 A x TC 398; după gruparea liniilor

pe baza heterozisului cele patru linii pot fi clasificate din punct de vedere genetic ca apropiate.

În cazul combinației TC 385A x TC 399, procentul heterozisului este între 70-90, încadrându-se în grupa liniilor genetic îndepărtate chiar dacă liniile provin din același composit.

Heterozis mai ridicat s-a înregistrat la încrucișările liniilor obținute din compositul Tu SRR Comp. B, fiind de peste 90% la încrucișarea TC 398 x TC 399; datorită acestui fapt se poate afirma faptul că liniile care provin din același composit pot da în încrucișări hibridizate cu un heterozis sporit.

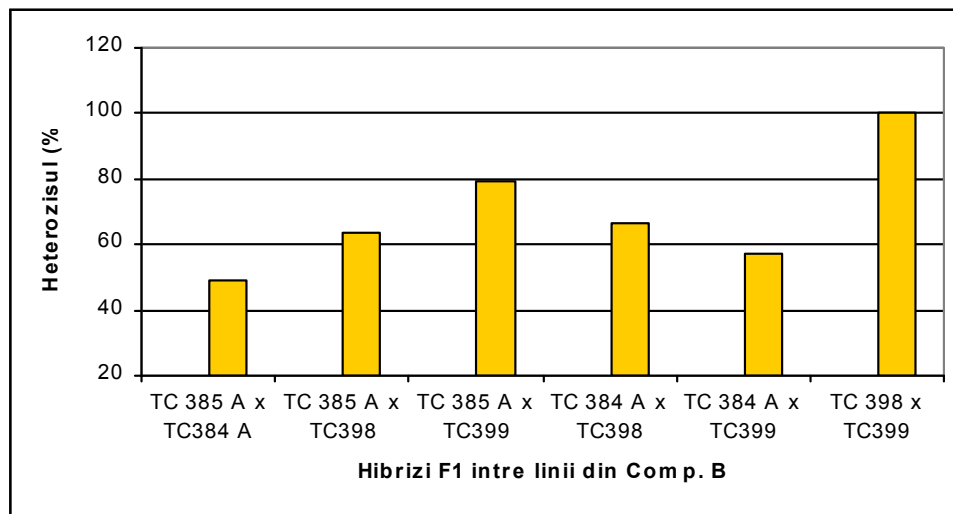


Figura 2 – Heterozisului (%) pentru producția de boabe la hibridii F1 între linii din Tu SRR Comp. B (Comp. A), în perioada 2013-2014

[The calculation of of heterosis (%) for grain yield at F1 hybrids between lines Tu SRR Comp. B (Comp. A) during 2013-2014]

Din calculul heterozisului pentru producția de boabe (figura 3) la hibridii F1 obținuți între linii din grupe diferite (AxB), respectiv linii create din Tu SRR Comp. A x Tu SRR Comp., se poate observa că majoritatea încrucișărilor au valori ale heterozisului peste 90%, deci putem afirma că liniile provin din grupe heterotice alternative, iar în încrucișări rezultă hibridizate cu o capacitate de producție ridicată. Se remarcă prin valoarea ridicată a heterozisului (>140%) combinațiile: TA422 x TC398, TA422 x TC384A și TA422 x TC399.



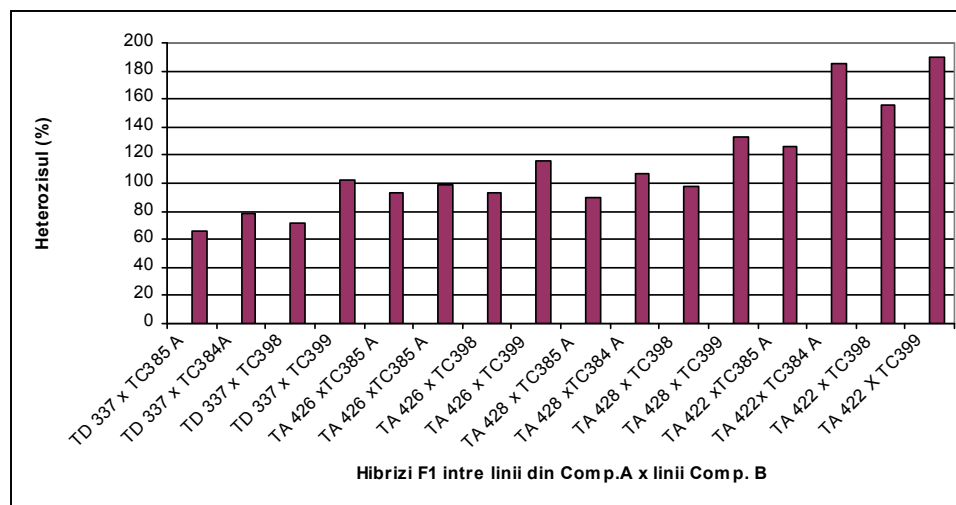


Figura 3 – Calculul heterozisului (%) pentru producția de boabe la hibridii F1 între linii din Tu SRR Comp. A (Comp. B) x Tu SRR Comp. B (Comp. A), în perioada 2013-2014  
[The calculation of of heterosis (%) for grain yield at F1 hybrids between lines Tu SRR Comp. A (Comp. B) x Tu SRR Comp. B (Comp. A) during 2013-2014]

Analiza diversității/inruderii genetice s-a efectuat la nivelul acțiunilor genelor aditive, respectiv a efectelor genice generale ( $\hat{g}$ ) caracteristice celor opt linii consangvinizate (tabelul 5).

Tabelul 5

**Efectele genetice aditive ( $\hat{g}$ ) corespunzătoare liniilor consangvinizate parentale**  
[Additive genetic effects ( $\hat{g}$ ) proper to parental inbred lines]

S.C.D.A. Turda, 2013-2014

Caractererele	TD337	TA426	TA428	TA422	TC385A	TC384A	TC398	TC399
Producția de boabe	-2,1	<u>4,2</u>	-1,5	-4,7	<u>5,0</u>	-4,5	-1,6	<u>5,3</u>
MMB	1	-6	-13	-32	<u>12</u>	<u>11</u>	5	<u>23</u>
Masa hectolitrică	<u>1,8</u>	-2,3	-0,6	<u>0,9</u>	-0,2	<u>1,2</u>	-1,1	0,2
Lungime știulete	-0,8	-0,7	-0,5	-0,4	<u>0,5</u>	0,1	<u>0,6</u>	<u>1,2</u>
Nr. rânduri boabe	0,2	<u>1,8</u>	<u>0,9</u>	<u>0,8</u>	-0,8	-0,9	0,3	-2,3
% boabe/știulete	0,3	0,2	0,7	<u>1,2</u>	-0,7	-0,4	-0,1	-1,2
Greutate știulete	0,9	<u>8,6</u>	-1,4	-14	<u>8,1</u>	-9	-2	<u>8,9</u>
Greutate boabe/știulete	0	<u>7,4</u>	0,9	-10,3	3,9	-7	0,3	4,9
Profunzime bob	-0,01	<u>0,04</u>	<u>0,05</u>	0	-0,02	-0,04	-0,02	-0,01
Nr. boabe/rând	-2	<u>1</u>	0,2	<u>0,8</u>	0,6	-0,3	-2,1	<u>1,8</u>

— Linii care se remarcă foarte semnificativ prin capacitate de transmitere a caracterelor analizate.

Din analiza capacității de combinare a celor opt linii consangvinizate se remarcă unele linii prin capacitatea de transmitere a mai multor caractere. Dintre aceste linii consangvinizate remarcăm ca valoroase:

- TC 385A pentru capacitatea de transmitere: producția de boabe, MMB, lungimea știuletelui, greutatea știuletelui;
- TC 399 pentru capacitatea de transmitere: producția de boabe, lungimea știuletelui, greutatea știuletelui, numărul de boabe/rând;
- TA 426 pentru capacitatea de transmitere: producția de boabe, numărul de rânduri de boabe/știulete, greutatea știuletelui, greutatea boabelor pe știulete, profunzimea bobului.

Diferențele care există între liniile consangvinizate comparate (tabelul 6) reflectă diferențierile la nivelul locilor homozigoți cu efecte cumulative. Diferențierile la nivel genetic sunt demonstrate pe baza coeficienților de corelație ( $r_{\hat{g}}$ ).

Tabelul 6

Coeficienții de corelație genetică între liniile consangvinizate  
(Genetic correlation coefficients among inbred lines)

	TD337	TA426	TA428	TA422	TC385A	TC384A	TC398	TC399
TD 337	1							
TA 426	-0,23	1						
TA 428	-0,27	0,55	1					
TA 422	-0,32	0,14	0,89	1				
TC385A	0,17	0,04	-0,81	-0,95	1			
TC384A	0,23	-0,96	-0,72	-0,37	0,18	1		
TC 398	0,36	-0,62	-0,79	0,69	0,47	0,77	1	
TC 399	0,21	-0,23	-0,93	-0,98	0,96	0,44	0,65	1
DL P (5%)	0,63							
DL P (1%)	0,76							

Ca urmare, cel mai pronunțat grad de diferențiere la nivelul exprimării genelor aditive rezultă între liniile din grupe diferite (A sau B): TA 426 – TC 399 ( $r_{\hat{g}} = -0,98^{***}$ ), TC 384A - TA 426 ( $r_{\hat{g}} = -0,96^{***}$ ), TC 385A - TA 422 ( $r_{\hat{g}} = -0,95^{***}$ ), TC 399 – TA 428 ( $r_{\hat{g}} = -0,93^{***}$ ).

Cel mai pronunțat grad de asemănare la nivelul exprimării genelor aditive rezultă între liniile: TA 422 – TA 428 ( $r_{\hat{g}} = 0,89^{***}$ ), TC 399 – TC 385° ( $r_{\hat{g}} = 0,96^{***}$ ), TC 398 – TC 384A ( $r_{\hat{g}} = 0,77^{***}$ ), TC 399 – TC 398 ( $r_{\hat{g}} = 0,65^{***}$ ).

Comparând datele asupra relațiilor dintre cele opt linii luate în studiu la nivelul datelor fenotipice, a valorii heterozisului și a coeficienților de corelație la nivelul acțiunii genelor aditive, se constată că nu există o corespondență totală între metodele de apreciere. Fac excepție unele combinații la care relația lipsei heterozisului se explică prin corelația semnificativă între efectele genetice aditive ale liniilor partenere, de exemplu TC 384A x TC 398 la care heterozisul pentru producție este <70%, iar valoarea coeficientului de corelație  $r_{\hat{g}} = 0,77^{***}$ .

În cazul combinațiilor între care s-a realizat heterozisul producției >120% au existat diferențieri foarte semnificative între liniile partenere, exemplu: TA 428 x TC 399 ( $r_{\hat{g}} = -0,93^{***}$ ), TA 422 x TC 385A ( $r_{\hat{g}} = -0,95^{***}$ ), TA 422 x TC 398 ( $r_{\hat{g}} = -0,69^{***}$ ) și TA 422 x TC 399 ( $r_{\hat{g}} = -0,98^{***}$ ).

## CONCLUZII

Cercetările efectuate pentru evaluarea gradului de înrudire/diversitate a liniilor consangvinizate pot avea implicații deosebite pentru creșterea eficienței lucrărilor de ameliorare a porumbului, în strategia de creare a formulelor de hibridare.

Între cele opt linii consangvinizate studiate au existat diferențe fenotipice și genetice, chiar și între liniile realizate din același material inițial.

Analiza varianțelor în cazul sistemului de încrucișări dialel a evidențiat contribuția distinct semnificativă atât a anilor, cât și a hibrizilor în realizarea producției și a elementelor de producție.

Din descompunerile ortogonale ale varianței hibrizilor reiese că atât între încrucișările cu liniile provenite din Comp. A, cât și cele din Comp. B, au existat diferențe distinct semnificative pentru producție și unele elemente de producție.

Prin studiul comparativ între hibrizii (AxA) și (BxB) se observă diferența foarte semnificativă pentru numărul de rânduri de boabe pe știulete al hibrizilor (AxA). Pentru producția de boabe și celelalte caractere analizate diferența dintre hibrizi a fost în favoarea celor între grupele AxB.

Din calculul heterozisului asupra capacității de producție se observă că, în cazul hibrizilor F1, între liniile din Comp. A, o exprimare foarte slabă a heterozisului de sub 70%, a fost calculată la hibrizii TA 426 x TA 428 și TD 337 x TA 426, iar după gruparea liniilor pe baza heterozisului putem afirma că cele trei linii (TA 426, TA 428 și TD 337) sunt genetic apropiate.

Din analiza capacității de combinare a celor opt linii consangvinizate se remarcă unele linii prin capacitatea de transmitere a mai multor caractere. Dintre aceste linii consangvinizate remarcăm ca valoroase: TC 385A, TC 399 și TA 426.

Cel mai pronunțat grad de diferențiere la nivelul exprimării genelor aditive rezultă între liniile din grupe diferite (A sau B): TA 426 – TC 399 ( $r_{\hat{g}} = -0,98^{***}$ ), TC 384A - TA 426 ( $r_{\hat{g}} = -0,96^{***}$ ), TC 385A - TA 422 ( $r_{\hat{g}} = -0,95^{***}$ ), TC 399 – TA 428 ( $r_{\hat{g}} = -0,93^{***}$ ).

Cel mai pronunțat grad de asemănare la nivelul exprimării genelor aditive rezultă între liniile: TA 422 – TA 428 ( $r_{\hat{g}} = 0,89^{***}$ ), TC 399 – TC 385A ( $r_{\hat{g}} = 0,96^{***}$ ), TC 398 – TC 384A ( $r_{\hat{g}} = 0,77^{***}$ ), TC 399 – TC 398 ( $r_{\hat{g}} = 0,65^{***}$ ).

La unele combinații, lipsa heterozisului se explică prin corelația semnificativă între efectele genetice aditive ale liniilor partenere, de exemplu TC 384A x TC 398 la care heterozisul pentru producție este <70%, iar valoarea coeficientului de corelație  $r_{\hat{g}} = 0,77^{***}$ .

În cazul combinațiilor între care s-a realizat heterozisul ridicat al producției de boabe de >120% au existat diferențieri foarte semnificative între liniile partenere, exemplu: TA

428 x TC 399 ( $r\hat{g} = -0,93^{***}$ ), TA 422 x TC 385A ( $r\hat{g} = -0,95^{***}$ ), TA 422 x TC 398 ( $r\hat{g} = -0,69^{***}$ ) și TA 422 x TC 399 ( $r\hat{g} = -0,98^{***}$ ).

## REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

- BRUMĂ, S., 2012 – *Aprecierea comparativă a diferitor indici de discriminare a liniilor înrudite de porumb*. În: „Știința agricolă”, nr.2.
- BERNARDO, R., 1996 – *Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance*. Crop Sci., 36: 50-56
- CĂBULEA, I., 1975 – *Metode statistice pentru analiza componentelor genetice ale variabilității continue*. Probleme de genetică teoretică și aplicată, VII: 391-421.
- COPÂNDEAN, ANA, CĂBULEA, I., 2004 – *Cercetări privind evaluarea diversității genetice a liniilor consangvinizate și posibilitatea prognozării hibridilor de porumb performanți*. Cercetări de genetică vegetală și animală, VIII: 9-33
- GRIBENCEA, J.W., PARTAS, E., 1998 – *Manifestarea fenomenului heterosis la hibridarea unor linii consangvinizate de porumb, create pe baza unei plasmă comune*. Rezumatele lucrărilor celui de al XX-lea Simpozion National de Genetica Vegetală și Animală, București: 19.
- HADI, G., 2004 – *Improvement of commercial maize lines through the integration of genes and gene combinations from elite lines*. Acta Agron. Hungarica, 52: 69-74.
- HALLAUER, A., 2003 – *Conversion of tropical maize germplasm for temperate area use*. Ann. Hybrid Corn Sorghum Res. Conf. Proc. 58. CD-Rom. ASTA, Alexandria, VA
- HALLAUER, A.R., CARENA, M.J., 2009 – *Maize breeding*. In: Handbook of Plant Breeding: Cereals, M. J. Carena (ed.), pp. 3-98, Springer, New York, NY.
- HALLAUER, A.R., CARENA, M.J., MIRANDA, J.B., 2010 – *Quantitative genetics in maize breeding*. 3<sup>rd</sup> ed., Springer, New York, NY.
- HAȘ, I., 2004 – *Heterozisul la porumb*. În: Porumbul - studiu monografic, Edit. Academiei Române, București.
- HAȘ, I., HAȘ, V., MUREȘANU, E., IFRIM, S., 2010 – *Folosirea descompunerilor ortogonale și neortogonale în compararea unor grupe de genotipuri*. An. INCDA Fundulea 78 (2): 5-16.
- HAȘ, VOICHIȚA, ROTARI, A., HAȘ, I., 2002 – *Determinarea relației genetice dintre unele linii consangvinizate sugary-1 create la Stațiunea de Cercetări Agricole Turda*. Cercetări de genetică vegetală și animală, VII: 113-126.
- MELCHINGER, A.E., 1993 – *Use of RFLP markers for analysis of genetic relationship among breeding materials and prediction of hybrid performance*. In: Buxton DR et al. (eds.) International Crop.
- MIKEL, M.A., DUDLEY, J.W., 2006 – *Evolution of North American dent corn from public to proprietary germplasm*. Crop Sci., 46: 1193-1205.
- MUSTEAȚĂ, S., MISTRET, S., 2002 – *Estimarea diversității genetice în cadrul liniilor consangvinizate de porumb cu pedigree comun*. Cercetări de genetică vegetală și animală, 7: 168-176.
- PEJIC, I., AJMANE-MARSON, P., MARGANTE, M., KAZUMPLICK, V., CATIGLIONI, P., TORAMINA, G., MOTTO, M., 1998 – *Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs and AFLPs*. Theor. Appl. Genet., 97: 1248-1255.
- SARCA, T., 2004 – *Ameliorarea porumbului*. În: Porumbul - studiu monografic, Edit. Academiei Române, București.
- SENIOR, M. L., MURPHY, J. P., GOODMAN, M.M., STUBER, C.W., 1998 – *Utility of SSRs for Determining Genetic Similarities and Relationships in Maize Using an Agarose Gel System*. Crop Sci., 38: 1088-1098.
- SMITH, J.S.C., 1988 – *Diversity of United States hybrid maize germplasm; isozymic and chromatographic evidence*. Crop Sci., 28: 63-69
- SMITH, J.S.C., SMITH, O.S., 1987 – *Associations among inbred lines of maize using electrophoretic, chromatographic, and pedigree data*. Theor. Appl. Genet., 73: 654-664.
- SMITH, O.S., SMITH, J.S.C., BOWEN, S.L., TENBORG, R.A., WALL, S.J., 1990 – *Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree. F1 grain yield, heterosis, and RFLPs*. Theor. Appl. Genet., 80: 833-840.

- SMITH, O.S., SMITH, J.S.C., 1992 – *Measurement of genetic diversity among maize hybrids, a comparison of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data*. *Maydica*, 37: 53-60.
- SMITH, J.S.C., CHIN, E.C.L., SHU, H., SMITH, O.S., WALL, S.J., SENIOR, M.L., MITCHELL, S.E., KRESOVICH, S., ZIEGLE, J., 1997 – *An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (Zea mays L): comparison with data from RFLPs and pedigree*. *Theor. Appl. Genet.*, 95:163-173.
- ȘUTEU, DANA, BĂCILĂ, I., HAȘ, VOICHIȚA, HAS, I., MICLĂUȘ, M., 2013 – *Romanian maize (Zea mays) inbred lines as a source of genetic diversity in SE Europe, and their potential in future breeding efforts*. *PLOS ONE Journal*, 8 (12).
- TROYER, A.F., 2004 – *Background of U.S. hybrid corn*. II. Breeding, climate and food, *Crop Science*, 44: 370-380.

*Prezentată Comitetului de redacție la 12 mai 2016*