

**UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET**

Mr Jelena M. Damnjanović

**GENETIČKA VARIJABILNOST
I STABILNOST OSOBINA PLAVOG PATLIDŽANA
(*Solanum melongena* L.)**

Doktorska disertacija

Beograd, 2016.

**UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE**

MSci. Jelena M. Damnjanovic

**GENETIC VARIABILITY
AND STABILITY OF TRAITS OF EGGPLANT
(*Solanum melongena* L.)**

Doctoral dissertation

Belgrade, 2016.

**UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET
BEOGRAD - ZEMUN**

Mentor:

Dr Tomislav Živanović, redovni profesor
Poljoprivredni fakultet, Beograd – Zemun

Članovi komisije:

Dr Bogoljub Zečević, viši naučni saradnik
Institut za povrtarstvo, Smederevska Palanka

Dr Slaven Prodanović, redovni profesor
Poljoprivredni fakultet, Beograd – Zemun

Dr Vera Rakonjac, redovni profesor
Poljoprivredni fakultet, Beograd- Zemun

Dr Zdenka Girek, naučni saradnik
Institut za povrtarstvo, Smederevska Palanka

Datum odbrane: _____

ZAHVALNICA

Koristim priliku da se najiskrenije zahvalim mentoru prof. dr. Tomislavu Živanoviću i članovima komisije dr Bogoljubu Zečeviću, prof. dr Slavenu Prodanoviću, prof. dr Veri Rakonjac i dr Zdenki Girek.

Zahvaljujem se komentoru dr Zdenki Girek iz Instituta za povrtarstvo, Smederevska Palanka na savetima i praktičnoj pomoći kod svih statističkih analiza, a pre svega kod analize stabilnosti upotrebom AMMI modela.

Zahvaljujem se komentoru dr Suzani Pavlović iz Instituta za povrtarstvo, Smederevska Palanka na svim savetima vezanim za molekularne markere i na praktičnoj pomoći kod sprovođenja RAPD analize.

Veliku zahvalnost dugujem kolegama Mirjani Milanović, Mladenu Đorđeviću i Ljiljani Radisavljević na tehničkoj podršci.

GENETIČKA VARIJABILNOST I STABILNOST OSOBINA PLAVOG PATLIDŽANA (*Solanum melongena* L.)

REZIME

Plavi patlidžan (*Solanum melongena* L.) je drevna biljka karakteristična za istočnjačke zemlje, Indiju i Kinu. Ekonomski značaj ove biljke veoma je veliki, jer predstavlja veoma popularno domaće povrće u Aziji i mediteranskom basenu. Pripada porodici *Solanaceae* gde spadaju i druge ekonomski važne vrste. Prema podacima *FAO* (*Food and Agriculture Organization of United Nations*) u toku 2012. godine, plavi patlidžan se gaji na oko 1,6 miliona hektara.

Cilj rada je bio da se utvrdi stepen fenotipske plastičnosti proučavanih genotipova, zatim da se na osnovu saznanja o svim izvorima variranja u ukupnoj fenotipskoj varijansi formira slika o stabilnosti najvažnijih osobina na različitim lokalitetima i tako izdvoje stabilni genotipovi kao početni selekcionni materijal.

Upotreba molekularne genetike ima za cilj očuvanje i korišćenje genetičkih resursa, i da se uz pomoć molekularnih markera odredi varijabilnost i grupisanje srodnih genotipova plavog patlidžana u heterotične grupe. Selekcija uz pomoć markera predstavlja indirektnu selekciju, a sve u cilju stvaranja sorti sa određenim agronomskim poželjnim osobinama.

Sva ispitivanja su sprovedena u toku vegetacione sezone (2015) i to na tri lokaliteta: Smederevska Palanka (ogledno polje Instituta za povrtarstvo), Kusadak i Vranovo. Odabrano je 20 perspektivnih genotipova plavog patlidžana koji pripadaju

kolekciji Instituta za povrtarstvo i koji predstavljaju divergentan genetički materijal. Glavni zadatak istraživanja bio je praćenje uticaja faktora (genotip, lokalitet) na sedam osobina: prinos po biljci, težina ploda, broj plodova po biljci, dužina ploda, širina ploda, visina biljke i ranostasnost.

Statističkim metodama, prvenstveno ANOVA-om utvrđena je značajnost oba faktora, genotipa i lokaliteta na sve osobine. Na osnovu analize interakcije genotip × spoljna sredina po AMMI modelu zaključuje se da su postojale značajne razlike između genotipova, lokaliteta i njihovih interakcija. Najveći procenat se odnosio na efekat genotipa od ukupne sume kvadrata, a znatno manje na efekat lokaliteta i njihove interakcije, i to za sve osobine. Takođe je utvrđena stabilnost genotipova po lokalitetima.

Uz pomoć RAPD analize utvrđena je genetička varijabilnost između posmatranih genotipova plavog patlidžana, odnosno, konstatovan je visok nivo polimorfizma (broj traka po prajmeru). Na osnovu UPGM metode, i na osnovu klaster analize, svih 20 genotipova grupisalo se u devet klastera. Genotipovi K1, K8/1, K19, K22, K25 i K38, su se odvojili i formirali pojedinačne grupe.

Ključne reči: plavi patlidžan, genetička varijabilnost, stabilnost osobine, AMMI, RAPD.

Naučna oblast: **Biotehničke nauke**

Uža naučna oblast: **Genetika i oplemenjivanje biljaka**

UDK broj: **635.646:575.2 (043.3)**

**GENETIC VARIABILITY
AND STABILITY OF TRAITS OF EGGPLANT
(*Solanum melongena* L.)**

ABSTRACT

Eggplant (*Solanum melongena* L.) is an ancient plant, common in East countries, India and China. Economic importance of this plant is big since it is a very popular vegetable in Asia and in countries of Mediterranean basin. It belongs to *Solanaceae* family, together with other economically important varieties. According to *FAO (Food and Agriculture Organization of United Nations)* during 2012, eggplant was grown on 1.6 million hectares.

The aim of this research was to determine the degree of phenotype plasticity of studied genotypes, and then, on the basis of the results regarding all sources of variation in total phenotype variance, to extract the stabile genotypes with stabile most important traits in different environments, as an initial selection material.

The usage of molecular genetics aims to preserve and utilize genetic resources and to determine variability and grouping of related genotypes of eggplant in heterotic groups by using molecular markers. Marker selection is an indirect selection with the aim of creating varieties with certain desirable traits in agronomical context.

All researches have been conducted during vegetation season 2015 in three environments: Smederevska Palanka (trial field of the Institute for Vegetable Crops), Kusadak and Vranovo. Divergent genetic materials, i.e. 20 perspective genotypes from Institute for Vegetable Crops collection have been chosen for this research. The main

task of the research was the monitoring of the impact of factors (genotype, environment) on seven traits: yield per plant, fruit weight, number of fruits per plant, fruit length, fruit width, plant height and early ripening.

The significance of both factors, genotype and environment, for all traits has been established by applying statistical methods, first of all ANOVA. Analysis of interaction genotype x environment in AMMI model proved that there have been significant differences among genotypes, environment and its interactions. The highest percentage was referred to effect of genotype of both total square sums and much less on the effect of environment and its interactions for all traits. Stability of genotypes on different environments has also been established.

Genetic variability among analysed eggplant genotypes and high level of polymorphism (number of bands per primer) was established by using the RAPD analysis, respectively. According to UPGM method and cluster analysis, all 20 genotypes grouped in nine clusters. Genotypes K1, K8/1, K19, K22, K25 and K38, branched and formed separate groups.

Key words: eggplant, genetic variability, trait stability, AMMI, RAPD

Scientific field: **Biotechnical Sciences**

Scientific discipline: **Genetics and plant breeding**

UDC number: **635.646:575.2(043.3)**

Sadržaj

1. UVOD	1
1.1. Značaj plavog patlidžana	1
1.2. Sistematika plavog patlidžana	2
1.3. Poreklo i evolucija plavog patlidžana	3
1.4. Genetički resursi plavog patlidžana	4
2. CILJ DOKTORSKE DISERTACIJE	6
3. PREGLED LITERATURE	7
3.1. Genetička varijabilnost	7
3.2. Molekularno genetički pristup u proučavanju diverziteta biljnih genetičkih resursa (genetički markeri)	8
3.2.1. Morfološki markeri	9
3.2.2. Biohemijski markeri	9
3.2.3. Molekularni markeri	10
3.2.3.1. Markeri sa nasumičnim prajmerima - (RAPD - eng. <i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>)	14
3.3. Proučavanje diverziteta odabranih genotipova plavog patlidžana primenom molekularnih genetičkih markera	19
3.4. Stabilnost osobina	21
4. RADNE HIPOTEZE	29
5. MATERIJAL I METOD RADA	30
5.1. Materijal	30
5.2. Metode rada	32
5.2.1. Postavka oglada	32
5.2.2. Agroekološki uslovi na ispitivanim lokalitetima	33
5.2.2.1. Prosečna temperatura vazduha	33

5.2.2.2. Maksimalna temperatura	36
5.2.2.3. Padavine	38
5.2.2.4. Višegodišnji prosek prosečne temperature i padavina	41
5.2.3. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine primenom AMMI analize	43
5.2.4. Statistička obrada podataka	44
5.2.5. Molekularna analiza genotipova plavog patlidžana primenom PCR.....	45
5.2.5.1. Izolacija DNK.....	45
5.2.5.2. Genetička karakterizacija RAPD markerima.....	47
5.2.5.3. Statističke metode za molekularne markere	49
6. REZULTATI ISTRAŽIVANJA I DISKUSIJA.....	51
6.1. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za prinos po biljci.....	51
6.1.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za prinos po biljci po AMMI modelu	53
6.2. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za težinu ploda	58
6.2.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za težinu ploda po AMMI modelu.....	62
6.3. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za broj plodova po biljci	68
6.3.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za broj plodova po biljci po AMMI modelu	71
6.4. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za dužinu ploda	76
6.4.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za dužinu ploda po AMMI modelu	79
6.5. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za širinu ploda	84
6.5.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za širinu ploda po AMMI modelu	87
6.6. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za visinu biljke	92

6.6.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine	
za visinu biljke po AMMI modelu.....	96
6.7. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za ranostasnost	101
6.7.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine	
za ranostasnost po AMMI modelu.....	104
6.8. Polimorfizam na osnovu RAPD analize	109
7. ZAKLJUČAK	117
8. LITERATURA.....	121
9. PRILOZI.....	144
10. BIOGRAFIJA	148

1. UVOD

1.1. Značaj plavog patlidžana

Plavi patlidžan (*Solanum melongena* L.) je drevna biljka koja je karakteristična za istočnjačke zemlje, i to Indiju i Kinu. Ekonomski značaj ove biljke veoma je veliki, jer predstavlja veoma popularno domaće povrće u Aziji i mediteranskom basenu. Prema podacima koje je objavio FAO (2010), preko 90% proizvodnje plavog patlidžana je u Centralnoj, Južnoj i Jugoistočnoj Aziji i afričkim zemljama. Kina je najveći proizvođač (58% ukupne svetske proizvodnje), a Indija se nalazi na drugom mestu (25%), zatim slede Egipat, Iran i Turska. U svetu se plavi patlidžan proizvodi na više od 1 600 000 ha (FAOSTAT, 2012). Prosečan prinos (18 t/ha) veoma varira i zavisi od klime, trajanje useva i tehnike gajenja. Holandija je zemlja sa prinosom od 390 t/ha i samim tim je apsolutni šampion. Hranjiva vrednost plavog patlidžana je ograničena (Gebhardt i Thomas, 2002), ali prisustvo dobrih vlakana i različitih vitamina i minerala u plodovima je od velike koristi za ljudsko zdravlje. Plod plavog patlidžana ima veoma malu kaloričnu vrednost, ali je bogat izvor gvožđa, pa se njegova ukupna hranjiva vrednost može uporediti sa paradajzom (Kaloo, 1993). Osim što se koristi kao važna povrtarska biljka, povoljni efekti se ogledaju i u njenoj širokoj primeni u tradicionalnom pravljenju lekova (Khan, 1979). Dodatna vrednost ove biljne vrste ogleda se i u blagotvornim biohemijskim sastojcima kao što su antocijan, potpuni fenoli, polifenoloksidaze i glikoalkaloidi (Kallo, 1988). Svi oni imaju osobine antioksidanasa (Cao i sar., 1996; Stommel i Whitaker, 2003). Međutim, alkaloidi mogu imati negativan uticaj, jer mogu dati gorak, odbojan ukus plodovima. Uglavnom plodovi gajenih vrsta ne sadrže tako veliki nivo alkaloida, osim ako biljka u toku vegetacije nije bila izložena velikom stresu. U farmaceutskoj industriji ima primenu zbog visokog sadržaja

solasodina, koji je prekursor hormona (estrogen) koji se koristi u procesima kontrole oplodjenja.

1.2. Sistematika plavog patlidžana

Plavi patlidžan je jednogodišnja, fakultativno samooplodna biljka sa $2n=24$ hromozoma i veličinom genoma oko 956 Mbp (Benet i Leitch, 2004). Međutim, naučni podaci vezani za ukrštanje ukazuju na visoko prisustvo strane oplodnje, ukazujući na to da je ovo ipak „biljka koja se često ukršta“. Konusna forma tučka i antera utiče na samooplodnju, ali pošto se tučak izvija iznad antera, postoji mogućnost unakrsnog oplodjenja. Procenat strane oplodnje varira i kreće se u opsegu između 2% i 48% u zavisnosti od genotipa, lokacije i insekata (Chen, 2009).

Plavi patlidžan (*Solanum melongena* L.) pripada rodu *Solanum*, a familiji pomoćnica (*Solanaceae*), gde spadaju mnoge gajene vrste uključujući papriku (*Capsicum* sp.), paradajz (*Solanum* sekcija *Lycopersicon* sp.), krompir (*Solanum tuberosum*), vrste *Phisalys* i *Cyphomandra* (Daunay i sar., 2001b).

Plavi patlidžan spada u podrod *Leprostemonum*, najveći podrod roda *Solanum*. Integrirani taksonomski informacioni sistem (Integrated Taxonomic Information System, ITIS) i Globalne informacije o biodiverzitetu (Global Biodiversity Information Facility, GBIF) predlažu sledeću klasifikaciju plavog patlidžana:

Klasifikacija: Carstvo	<i>Plantae</i>
Razdeo	<i>Tracheophyta</i>
Klasa	<i>Magnoliopsida</i>
Podklasa	<i>Asteranae</i>
Red	<i>Solanales</i>
Familija	<i>Solanaceae</i>
Rod	<i>Solanum</i>
Vrsta	<i>Solanum melongena</i> L.

Rod *Solanum* predstavlja vrlo veliki i raznovrstan rod koji sadrži oko 2000 različitih vrsta, od kojih se najveći broj nalazi u Aziji. U okviru ovog roda sreće se kao jednogodišnja i višegodišnja vrsta koja raste u obliku puzavice, žbunova, šiblja sa vrlo privlačnim stablima i cvetovima (Khan, 1979).

U Indiji se sreće oko 45 vrsta roda *Solanum* od kojih se gaji samo određen broj. Među njima su najzastupljenije, a ujedno i najznačajnije vrste: *Solanum lycopersicum* (paradajz), *Solanum tuberosum* (krompir) i *Solanum melongena* (plavi patlidžan).

1.3. Poreklo i evolucija plavog patlidžana

Centri porekla gajenih biljaka su identifikovani na osnovu broja i raznovrsnosti divljih vrsta, kao i po broju endemičnih vrsta ovog roda u datom regionu. U posebnim prilikama, kada se biljka intenzivno gaji na širem geografskom području, razvija se veliki broj novih sorti, uključujući i veliki broj roditeljskih linija, što dovodi do velikog broja sorti (Rao i Shantharam, 2009).

Što se tiče porekla *Solanum melongena*, naučnici imaju oprečna mišljenja. Među njima postoji jasan konsenzus da se centri raznovrsnosti vrsta nalaze u Indiji i Indokini (Bhaduri, 1951; Vavilov, 1951; Zeven i Zhukovsky, 1975; Lester i Hasan, 1991). Watt (1908) smatra da plavi patlidžan ne potiče iz Indije. Dokazi upućuju da ova biljka potiče iz Azije. Jugozapadna Azija, Arabija, Japan i Kina smatraju se mogućim oblastima porekla (Khan, 1979).

Proces domestifikacije plavog patlidžana nastao je u oblasti između severoistočne Indije i jugozapadne Kine. Najstariji poljoprivredni, botanički zapisi opisuju njegove osobine, morfologiju i upotrebu. Iz ovih indokineskih centara porekla i domestifikacije, plavi patlidžan se preneo dalje na istok u Japan i na zapad, verovatno u vreme muslimanskih osvajanja (od osmog do dvanaestog veka). Postepeno, kultivacija ove biljke proširila se i na ostale kontinente, i tako da se i danas gaji širom sveta.

Karihaloo i Gottlieb (1995) u svojoj studiji kažu da *Solanum melongena* potiče od afričke vrste, *Solanum incanum*. Njegovo prenošenje u južnu i jugoistočnu Aziju je izvršio čovek kopnenim putevima, a proširio morskim putem (D`Arcy i Pickett, 1991; Lester i Hasan, 1991).

Solanum incanum L. predstavlja divlju vrstu koja je najbliži takson vrsti *Solanum melongena* i najverovatnijeg pretka ove vrste (Daunay i sar., 2001a).

1.4. Genetički resursi plavog patlidžana

Evaluacija genetičkih resursa je od vrlo bitnog značaja u procesu oplemenjivanja, za stvaranje novih sorti i hibrida ili poboljšanje već postojećih. Uprkos svom velikom ekonomskom značaju i velikoj rasprostranjenosti, genom ove biljke nije još detaljno ispitan, kao što su druge vrste iz roda pomoćnica: paradajz, krompir, paprika. Analiza genotipova koji potiču sa različitih geografskih područja veoma je važna u procesu izučavanja genetičke varijabilnosti. Da bi se izvršila procena genetičke varijabilnosti na osnovu kojih bi se izdvojili slični genotipovi plavog patlidžana iz roda *Solanum*, primenjuju se morfološki i biohemijski markeri (izozomi i hromatografija), (Weijun, 1992; Isshiki i sar., 1994b). Upotreba molekularnih markera daje ogroman značaj pomoću kojih se detektuje polimorfizam, vrši se identifikacija genotipova, a u cilju iskorišćavanja genetičke varijabilnosti u procesima oplemenjivanja i evaluacije kod biljaka. Što se tiče germplazme plavog patlidžana, tu se uglavnom ocenjuju morfološka i agronomska svojstva (Karihaloo i Gottlieb, 1995), otkrivajući široku raznovrsnost u morfološkim (visina biljke, oblik ploda, boja i prinos), biohemijskim (gorčina ploda) i fiziološkim svojstvima (vreme cvetanja) (Daunay i sar., 1991; Collonier i sar., 2001).

Stalno povećanje potreba za hranom, na koju mora da odgovori savremena poljoprivredna proizvodnja, zahteva konstantnu genetičku analizu i njenu primenu u oplemenjivanju plavog patlidžana, a koje treba da dovede do povećanja prinosa ove

kulture. Nepovoljan uticaj faktora spoljašnje sredine na prinos i kvalitet plavog patlidžana može značajno umanjiti efekte oplemenjivačkog rada u cilju stvaranja novih sorti i hibrida. Interakcija genotipa i spoljašnje sredine komplikuje oplemenjivačka istraživanja, jer se vrednost neke osobine ne može tumačiti na osnovu glavnih efekata: genotipa i spoljašnje sredine. Interakcija otežava preporuku sortimenta za neku lokaciju, odnosno specifičnu spoljašnju sredinu (Ebdon i Gauch, 2002).

Genotipovi koji imaju veći udeo u interakciji, manje su osetljivi na promene uslova sredine, pa se vrednost ispitivanih osobina neće mnogo menjati sa promenom uslova sredine. Takvi genotipovi su stabilni.

2. CILJ DOKTORSKE DISERTACIJE

Uzimajući u obzir veliki značaj plavog patlidžana kao povrtarske vrste, kako u svetu tako i kod nas, posvećuje mu se sve veća pažnja, a sve u cilju dobijanja što većeg prinosa plodova u pogledu kvantiteta i kvaliteta.

Cilj ovog istraživanja je bio da se utvrdi stepen fenotipske plastičnosti proučavanih genotipova plavog patlidžana kolekcije Instituta za povrtarstvo ispitivanjem sedam kvantitativnih osobina: prinos po biljci, težina ploda, dužina ploda, širina ploda, broj plodova po biljci, visina biljke i ranostasnost. Pored toga, cilj je bio da se na osnovu saznanja o svim izvorima variranja u ukupnoj fenotipskoj varijansi svakog proučavanog genotipa, formira slika o stabilnosti najvažnijih osobina na različitim lokalitetima, kako bi se izdvojiti stabilni genotipovi, kao dobar početni selekcionni materijal.

Jedan od ciljeva je bio da se ispitivanjem dvadeset različitih genotipova iz kolekcije odredi varijabilnost i grupisanje srodnih genotipova plavog patlidžana primenom DNK RAPD molekularnih markera. Primenom ovih markera utvrdio se stepen sličnosti i njihovo grupisanje u odgovarajuće heterotične grupe.

Korišćenjem RAPD markera može se izvršiti karakterizacija proučavanih genotipova plavog patlidžana (16 prikupljenih iz različitih regiona Srbije i 4 koji su stranog porekla) i procena njihovog genetičkog diverziteta. Procenjivanje genetičkog diverziteta je značajno u procesu oplemenjivanja, dok korišćenje molekularnih markera ubrzava evaluacioni proces.

Konačan odabir najboljih genotipova koji će poslužiti kao roditelji u procesu stvaranja novih sorti i hibrida, takođe je bio jedan od ciljeva.

3. PREGLED LITERATURE

3.1. Genetička varijabilnost

Za uspešnu selekciju plavog patlidžana vrlo je bitno uvoditi nov selekcionni materijal kroz razne vidove hibridizacije. Na taj način dolazi do povećanja postojeće varijabilnosti germplazme. Genetička varijabilnost predstavlja tendenciju individualnih genotipova i populacija da se razlikuju jedni od drugih, u zavisnosti od genotipa i faktora spoljne sredine. Genetička varijabilnost i divergentnost su veoma bitni, jer određeni genotipovi u populacijama vrsta ili kompletne vrste ne bi uspeli da se prilagode promenama spoljašnje sredine. Varijabilnost je veoma važan faktor u evoluciji i omogućava preživljavanje individua u populaciji pod dejstvom prirodne selekcije (Falconer i Mackay, 1996).

Oplemenjivači svojim metodama povećavaju divergenciju formi unutar vrsta, kako bi imali širu osnovu za selekciju. Ovo se postiže primenom genetičkog inženjeringa (Vasil, 1998).

Ispitivanje genetičke divergentnosti predstavlja presudnu stvar u stvaranju novih sorti i hibrida. Genotipovi plavog patlidžana su prikupljeni i kolekcionisani samo u nekoliko evropskih i azijskih zemalja, ali ne postoji jedinstvena kolekcija germplazme koja bi bila dostupna širom sveta. U Evropi, genbanke plavog patlidžana i srodnih vrsta objedinjene su u okviru projekta EGGNET (<http://www.bgard.science.ru.nl/eggnet/eggnet01.html>).

Determinacija genetičkog polimorfizma neke biljne vrste je dobar preduslov za poboljšanje useva, jer daje osnovne podatke za odabir roditeljskih linija koje će poslužiti za kreiranje oplemenjivačkog rada (Van der Maesen, 1990).

3.2. Molekularno genetički pristup u proučavanju diverziteta biljnih genetičkih resursa (genetički markeri)

U poslednje dve decenije došlo je do porasta primene metoda molekularne genetike u očuvanju i korišćenju biljnih genetičkih resursa (Ayad i sar., 1995). Važno poglavlje moderne genetike biljaka su studije genetičke divergentnosti divljih i gajenih vrsta korišćenjem molekularnih markera. Poznavanje genetičke divergentnosti je značajno kako u konvencionalnom, tako i u nekonvencionalnom oplemenjivanju biljaka, a od nedavno se koristi i kao nova strategija za identifikaciju sorti.

Genetički markeri su našli široku primenu u oplemenjivanju biljaka i semenarstvu. Selekcija uz pomoć markera (MAS – eng. *Marker Assisted Selection*) predstavlja indirektnu selekciju na neku osobinu, gde se kao selekcionni kriterijum koristi marker koji se nasleđuje na isti način kao i ispitivana osobina. Genetički, a posebno molekularni DNK markeri imaju prednost u odnosu na klasične fenotipske markere korišćene u oplemenjivanju, jer ne zavise od uslova spoljne sredine i mogu se detektovati u svim stadijumima razvića. Ovaj tip markera je posebno važan u oplemenjivanju na agronomski važna svojstva koja je inače teško kontrolisati, kao što je otpornost prema bolestima, insektima, tolerancija na faktore biotičkog stresa, parametre kvaliteta i kvantitativne osobine (Milošević i Malešević, 2004).

Genetički markeri su geni ili sekvence DNK koji se nalaze na specifičnim mestima na hromozomima. Oni odražavaju genetičke razlike između različitih vrsta ili jedinki iste vrste, na osnovu kojih se indirektno dobija informacija o genima (ili delovima genoma) odgovornih za ispitivane osobine. Prema Smith-u (1987) idealan marker mora da poseduje sledeća svojstva: 1) da je polimorfan, tj. mora da postoji u različitim oblicima tako da se mogu razlikovati različite varijante alela, 2) da se lako i brzo uočava u ranim fazama razvića, 3) da je ravnomerno raspoređen po genomu, 4) da se kodominantno nasleđuje i 5) da nema negativan efekat na rast i razviće jedinke.

Genetičke markere je moguće klasifikovati kao morfološke, biohemijske i molekularne.

3.2.1. Morfološki markeri

Morfološki markeri su vezani za morfološke i agronomске osobine čije je nasleđivanje moguće pratiti posmatranjem pojave određenog fenotipa (Tanksley, 1983). Za dobijanje pouzdanih informacija o prirodi gena koji kontrolišu rast, razvoj, evolucione i adaptivne potencijale kod biljaka, procene su se dugo bazirale na fenotipskim karakteristikama.

Morfološki markeri su pod uticajem spoljašnje sredine i varijabilnost koja se kod njih procenjuje, ne odgovara uvek varijabilnosti na nivou genoma usled interakcije genotipa i sredine i uticaja interakcije na fenotipsko ispoljavanje. Zbog toga je ova vrsta markera nepouzdana i subjektivna. Ograničen je i broj morfoloških markera koji se mogu koristiti. Neki od njih se pojavljuju kasno u razviću biljke (boja cvetova) i nemoguće je sprovesti rano merenje osobine. Pored toga, jedan morfološki marker može da utiče na drugi marker ili svojstvo od interesa usled plejotropnog efekta (Poehlman i Sleper, 1995).

Nedostatke koji se javljaju prilikom primene morfoloških markera, prvenstveno zbog efekta spoljašnje sredine na njihovo ispoljavanje, moguće je prevazići evaluacijom diverziteta na nivou individualnih lokusa, odnosno primenom biohemijskih i molekularnih markera.

3.2.2. Biohemijski markeri

Biohemijski markeri se zasnivaju na polimorfizmu proteina i obuhvataju strukturne proteine, rezervne proteine semena i izoenzime. Izoenzimi predstavljaju

različite molekulske forme jednog enzima sa istom katalitičkom funkcijom, a razlikuju se u pH vrednosti i koncentraciji supstrata pri kojoj pokazuju enzimski efekat. Izoenzimi su alelne varijante enzima kodirane od strane strukturnih gena.

Od pojave elektroforeze proteina šezdesetih godina prošlog veka, izoenzimi su se intenzivno koristili za procenu genetičke varijabilnosti unutar i među biljnim populacijama (Brown, 1979; Gerić i sar., 1989) sve do pojave DNK markera. Izoenzimi su se pokazali kao pouzdani markeri u oceni genetičke čistoće. Međutim njihova primena je ograničena u utvrđivanju genetičkog identiteta, jer se njima ne postiže kompletna pokrivenost genoma. Osnovni nedostatak izoenzima je njihov relativno mali broj i nizak nivo polimorfizma.

3.2.3. Molekularni markeri

U novije vreme utvrđivanje genetičkog identiteta i procene varijabilnosti unutar i između populacija se vrši na osnovu molekularnih markera koji se zasnivaju na polimorfizmu DNK. Polimorfizmi DNK molekula su varijacije u nukleotidnom sastavu na određenom delu hromozoma. Razlikuju se polimorfizmi nukleotidnog sastava sekvenci i polimorfizmi dužina sekvenci. Ove varijacije se označavaju kao aleli. Za razliku od proteinskih markera, DNK markeri nisu pod uticajem spoljašnje sredine, lako se izoluju iz biljnog materijala, a analize su prilično jednostavne i efikasne.

Polimorfizam dužine restrikcionih fragmenata (eng. *Restriction Fragment Length Polymorphism* - RFLP) je jedna od prvih tehnika u širokoj upotrebi za detekciju varijabilnosti na nivou DNK sekvenci. Princip ove metode se zasniva na mogućnosti poređenja profila traka nastalih nakon digestije DNK sekvence različitih genotipova restrikcionim enzimima. Promene u sekvenci DNK mogu generisati varijacije u dužini restrikcionih fragmenata dobijenih nakon digestije enzimom. Ove razlike u dužinama fragmenata moguće je uočiti posle elektroforeze, hibridizacije i detekcije.

RFLP markeri se koriste za genetičku identifikaciju geonotipa, lokalizaciju gena na hromozomima, konstrukciju genetičke mape, analizu kvantitativnih osobina, određivanje udela genotipa roditelja u potomstvu i dr. Iako su se RFLP markeri pokazali kao efikasni za utvrđivanje genetičke strukture i diverziteta unutar i između populacija, glavni nedostaci ove tehnike su što zahteva veliku količinu čiste DNK, što je dugotrajna i kompleksna, pa samim tim i neadekvatna za rutinske analize. Uspešna primena RFLP markera može biti ograničena za datu vrstu zbog nepostojanja odgovarajućih proba.

Stoga se u novije vreme češće koriste molekularni markeri zasnovani na lančanom umnožavanju – PCR-u. PCR je lančana reakcija DNK polimeraze koju je osmislio Kary Mullis 1986. godine i za ovo otkriće, deset godina kasnije, dobio Nobelovu nagradu. Ova metoda je otvorila nova polja istraživanja u fundamentalnoj nauci i jedina u praksi omogućila brzu i preciznu dijagnostiku naslednih i infektivnih oboljenja. PCR metoda se zasniva na korišćenju sposobnosti DNK polimeraze da sintetiše novi komplementarni lanac na osnovu ponuđenog šablona. Ovaj proces predstavlja imitaciju replikacije DNK, koji se normalno odvija u živim organizmima. Otkriće termostabilnih DNK polimeraza učinilo je mogućim *in vitro* DNK amplifikaciju bez potrebe naknadnog dodavanja novih količina enzima. *Taq* polimeraza je prvi predstavnik termostabilnih DNK polimeraza, a izolovana je iz bakterije *Thermus aquaticus* koja živi u toplim izvorima Jeloustonkog parka u SAD. Časopis „Science” je 1989. godine izabrao PCR kao „glavni doprinos naučnom razvoju”, a *Taq* polimerazu, enzim koji katalizuje ovu reakciju, za „molekul godine” (Bartlett i Stirling, 2003).

Prednost PCR-a nad ostalim tehnikama je u tome što zahteva minimalnu količinu genetičkog materijala i omogućava amplifikaciju željenog segmenta DNK do milijardu puta. Visoka senzitivnost PCR reakcije omogućava analizu DNK izolovane iz jedne jedine ćelije.

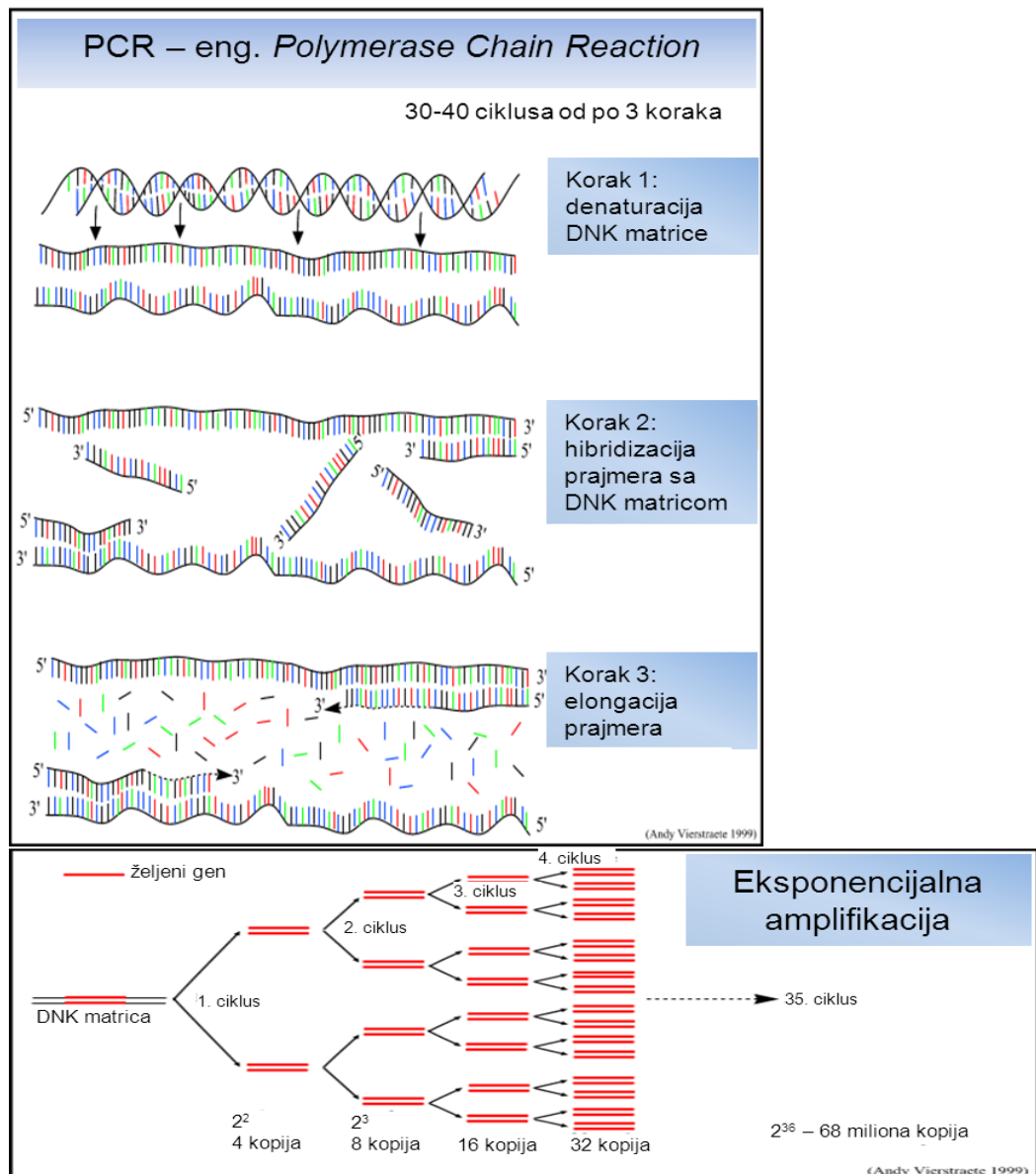
PCR je selektivna *in vitro* amplifikacija određenog, željenog segmenta DNK molekula, koja se odvija u ponovljenim ciklusima DNK replikacije. Zapravo, PCR

predstavlja imitaciju replikacije DNK, koja se normalno odvija u živim organizmima. S obzirom da u PCR-u sami biramo prajmere tj. koji će deo DNK biti sintetisan, imamo dirigovanu sintezu tačno određenog dela DNK ograničenog prajmerima.

PCR reakcija se odvija sa preciznim, cikličnim promenama temperature, što ima za posledicu amplifikaciju tačno određenog gena ili dela gena milion do milijardu puta. Jedan ciklus čine 3 koraka:

1. denaturacija DNK matrice
2. hibridizacija prajmera sa matricom
3. elongacija prajmera

Ponavljanje ovakvog ciklusa 30-40 puta rezultira eksponencijalnom amplifikacijom željenog segmenta DNK (slika 1).



Slika 1. Različiti koraci PCR ciklusa i *eksponencijalna* amplifikacija.
(Modifikovano prema Vierstraete, 1999)

Pošto je PCR reakcija izuzetno osetljiva, veoma je važno voditi računa o mogućim izvorima kontaminacije. Da bi se izbeglo dobijanje lažno pozitivnih rezultata, potrebno je pri svakoj PCR reakciji koristiti i tri tipa kontrolnih reakcija: negativnu kontrolu i blank kontrolu PCR-a i izolacije DNK. Negativna kontrola je PCR sa DNK

izolovanom iz uzorka za koji smo sigurni da ne poseduje sekvencu koju mi želimo da amplifikujemo. Blank kontrola je PCR reakcija bez DNK kojim se proverava eventualna kontaminacija nekog od reagenasa PCR smeše. Blank kontrola se može izvoditi i od same izolacije DNK za PCR, pri čemu ova kontrola prolazi kroz sve procedure izolovanja, prečišćavanja i amplifikacije DNK bez uzorka; na ovaj način se proverava kontaminacija hemikalija koje se koriste za DNK izolaciju (Romac et al, 1999).

Poslednjih 20 godina, sa razvojem tehnike lančane reakcije polimeraze razvijaju se i nove metode za detekciju polimorfizama zasnovane na PCR-u kao što su: RAPD, AFLP, SNP, SSR. Ove metode imaju niz prednosti kao što su jednostavnost i brzina same metode, mala količina genomske DNK koja je potrebna i mogućnost neradioaktivne vizuelizacije polimorfizma DNK (Isajev i sar., 2008).

3.2.3.1. Markeri sa nasumičnim prajmerima - (RAPD - eng. *Random Amplified Polymorphic DNA*)

PCR metoda sa nasumičnim prajmerima se zasniva na enzimskom umnožavanju DNK sekvenci sa proizvoljnim prajmerima. Razvili su je Welsh i McClelland (1990), kao PCR metodu u kojoj se amplifikuju nasumične polimorfne DNK sekvence. Postupak otkriva polimorfizam u DNK sekvenci pomoću jednog prajmera sa proizvoljnim redosledom nukleotida. Najčešće se koriste prajmeri nasumične sekvence dužine oko 10 bp, koji služe i kao *forward* i kao *reverse* prajmeri u odnosu na redosled i smer nukleotida. Prajmer se vezuje za genomsku DNK gde god pronađe komplementarne sekvence. Kada se prajmer veže u suprotnoj orijentaciji za dva različita mesta koja su dovoljno blizu, započinje proces sinteze DNK i dobijaju se fragmenti različitih dužina. Svaki prajmer usmerava amplifikaciju na nekoliko odvojenih lokusa u genomu, omogućavajući prikazivanje polimorfizma između različitih jedinki (Williams i sar., 1993).

Umnoženi fragmenti razdvajaju se na agaroznom gelu i dobija se sistem traka koji predstavlja profil ispitivane DNK dobijen korišćenjem određenog prajmera. Na osnovu dobijenog profila stepen sličnosti ili stepen divergentnosti se određuje pomoću različitih koeficijenata (Jaccard, 1901; Dice, 1945). Dobijeni polimorfizam potiče pre svega zbog varijacija u mestima vezivanja prajmera, ali takođe može biti posledica različitih dužina umnoženih sekvenci.

Prednosti RAPD markera su brzina izvođenja analize i jednostavnost tehnike. S obzirom na to da se RAPD markeri zasnivaju na vezivanju prajmera slučajnog redosleda nukleotida (nasumične sekvence), njihova ponovljivost je u velikoj meri uslovljena uslovima reakcije, što predstavlja veliki nedostatak ove tehnike (Schierwater i Ender, 1993). Zbog toga je onemogućeno poređenje rezultata između različitih laboratorija (Jones i sar., 1997). Takođe nisu svi prajmeri u istoj meri informativni kod različitih vrsta, tako da za svaku vrstu treba naći odgovarajući set RAPD prajmera koji će biti polimorfni i dati ponovljive rezultate.

RAPD markeri su dominantni markeri i stoga imaju ograničen značaj kao markeri za mapiranje. Nakon razdvajanja amplifikovanih segmenata na gelu očitavamo prisustvo ili odsustvo odgovarajuće trake (Jones i sar., 1997), tako da se heterozigoti ne mogu razlikovati od dominantnih homozigota.

RAPD analize zahtevaju da DNK bude dovoljno čista, i iz tog razloga je neophodna predostrožnost da bi se izbegla kontaminacija uzoraka, jer se koriste kratki nasumični prajmeri koji su u stanju da umnože fragmente DNK različitih vrsta. Ovi markeri nisu lokus specifični i samim tim profil traka se ne može predstaviti kao lokus ili alel.

RAPD je tehnika koja se najčešće koristila za procenu genetičke sličnosti ili divergentnosti. Od strane nekoliko grupa istraživača analiza RAPD markerima je korišćena i kao efikasno sredstvo za identifikaciju markera povezanih sa agronomski važnim osobinama (Agwanda i sar., 1997; Garcia i sar., 1998).

AFLP (eng. *Amplified Fragment Length Polymorphism*) je visoko senzitivna metoda za detekciju DNK polimorfizama koja objedinjuje pouzdanost RFLP tehnike i osetljivost PCR tehnike, i kojom se mogu detektovati različiti polimorfizmi u različitim regionima genoma istovremeno. Polimorfizam se detektuje na osnovu razlike u dužini umnoženih fragmenata. Tehnika je najpre opisana od strane Vos i sar. (1995) i podrazumeva četiri koraka: (1) sečenje DNK molekula i spajanje sa oligonukleotidnim adapterima, (2) preselektivno umnožavanje, (3) selektivno umnožavanje i (4) analizu umnoženih fragmenata na gelu. Umnoženi DNK fragmenti su dužine od 80 do 500bp. Polimorfizam se detektuje kroz prisustvo/odsustvo produkata amplifikacije, što ih svrstava među dominantne markere.

Ova metoda ne samo što ima veću ponovljivost, rezoluciju i osetljivost na nivou čitavog genoma u poređenju sa drugim metodama, već ima i sposobnost da amplifikuje između 50 i 100 fragmenata u isto vreme (Mueller i Wolfenbarger, 1999). Uz sve to prethodno poznavanje sekvence nije potrebno za amplifikaciju (Meudt i Clarke, 2007).

Prednosti AFLP markera se zaničaju na njihovoj velikoj zastupljenosti širom genoma, visokoj reproducibilnosti, velikom broju informativnih traka po reakciji, kao i činjenici da nije potrebna baza podataka sekvenci za dizajniranje prajmera.

Upotreba AFLP markera je postala značajna metoda molekularne genetike, usled sposobnosti da u jednoj reakciji detektuje visok stepen polimorfizma (Vos i sar., 1995; Agrama i sar., 2002). Nedostaci ove metode su što zahteva DNK visoke čistoće, kao i dominantnost alela.

SNP (eng. *Single Nucleotide Polymorphisms*) je najčešći tip genetičke varijacije. Reč je o mutaciji pojedinačnog nukleotida u određenom lokusu koji se najčešće sastoji iz dva alela (dialelni lokusi). SNP su evoluciono konzervirani, zbog čega su vrlo značajna grupa genetičkih markera.

Ovi markeri predstavljaju najzastupljeniji genetički polimorfizam kod viših eukariota, uključujući biljke. Najčešće je jedan SNP prisutan na 200 do 500 bp, a njihova gustina je veća u intergenskim i intronskim regionima nego u egzonima (Weising i sar., 2005). Velika gustina SNP markera povećava verovatnoću pronalaženja polimorfizma u ciljnom genu, što obezbeđuje veliku prednost u odnosu na ostale markere koji su najčešće tesno povezani sa lokusom od interesa. Iako je upotreba SNP markera kod biljaka još uvek u razvoju, očekuje se da će postati najkorišćeniji markeri u bliskoj budućnosti, posebno kada cele sekvence genoma biljaka postanu dostupne (Ganal i sar., 2011). Mnogobrojna istraživanja su pokazala da se učestalost SNP kreće od 1/25 bp kod krompira, do 1/7000 bp kod paradajza. SNP analiza je od posebne koristi za diskriminaciju gajenih biljaka koje imaju nizak nivo polimorfizma, kao što je paradajz. Pošto predstavljaju najčešći tip genetičkih varijacija u biljkama, SNP markeri mogu imati značajnu ulogu u proučavanju otpornosti na bolesti, abiotičkih i biotičkih stresova i ekonomski važnih osobina.

Činjenica da je u mnogim organizmima polimorfizam uglavnom rezultat promene u jednom nukleotidu (tačkaste mutacije), dovela je do razvoja SNP tehnika za proučavanje ove vrste polimorfizma.

Analitičke procedure zahtevaju informacije o sekvenci za dizajniranje specifičnih PCR prajmera ili oligonukleotidnih proba. Identifikacija SNP-ova obuhvata dva pristupa. Jedan od njih podrazumeva pretraživanje sekvenci iz baze podataka, kada su oni označeni kao *in silico* ili elektronski SNP-ovi. Drugi pristup je konvertovanje ostalih tipova molekularnih markera u SNP-ove. Kada se jednom utvrdi lokacija, identifikuje i dizajnira odgovarajući SNP marker, ova metoda nudi visok stepen automatizacije.

Metoda kojom se može detektovati ovaj tip polimorfizma je AS-PCR (eng. *Allele Specific PCR*). U ovom tipu PCR-a se koriste ASO prajmeri (eng. *Allele Specific Oligonucleotide primers*) koji se dizajniraju tako da se međusobno razlikuju jedino u odnosu na nukleotid koji se nalazi na samom 3' kraju. Pošto je uslov za inicijaciju

sinteze DNK, od strane *Taq* polimeraze korektno komplementarno sparivanje baza na 3' kraju prajmera, do započinjanja sinteze neće ni doći ukoliko je došlo do zamene nukleotida.

Druge metode za detekciju SNP su one koje se zasnivaju: 1) na promeni konformacije, pa samim tim i elektroforetske pokretljivosti fragmenta molekula DNK koji nosi mutaciju (DGGE – eng. *Denaturing Gradient Gel Electrophoresis*, TGGE – eng. *Temperature Gradient Gel Electrophoresis*, SSCP – eng. *Single Strand Conformation Polymorphism*) ili 2) na promeni elektroforetske pokretljivosti dvolančanih hibridnih molekula DNK, u kojima je jedan lanac promenjen, a drugi od alela divljeg tipa (HA – heterodupleksna analiza). Ove metode se označavaju i kao metode za skrining tačkastih polimorfizama i mutacija.

Ponovci jednostavne sekvence ili mikrosateliti (SSR- *Simple Sequence Repeats*) su ponavljajuće sekvence od 2-5 nukleotida (mono-, di-, tri-, tetra- ili pentanukleotidi) raspoređene kroz genom većine vrsta eukariota (Powell i sar., 1996). Ovi genski lokusi su vrlo često polimorfni tj. broj ponovljenih osnovnih ponovaka može veoma da varira, od 10 do 100 puta (Turnpenny i Ellard, 2005). SSR markeri, nastali iz genomskih biblioteka, mogu pripadati ili transkribovanom ili netranskribovanom regionu genoma, i retko postoji dostupna informacija u vezi sa njihovom funkcijom. Sekvence mikrosatelita su posebno pogodne za razlikovanje srodnih genotipova, zbog njihovog visokog stepena varijabilnosti, i zato se često koriste u analizama varijabilnosti populacija (Smith i Devey, 1994), kao i za identifikaciju blisko povezanih sorti (Vosman i sar., 1992).

Prednosti SSR markera predstavljaju kodominantnost alela, njihova velika prisutnost u genomu eukariota i njihova slučajna distribucija širom genoma (Morgante i sar., 2002; Barcaccia i sar., 2006). Male količine DNK (10-100 ng po reakciji) su potrebne za PCR analizu. Zbog upotrebe dugih sekvenci PCR prajmera, reproducibilnost SSR markera je visoka i ne zahteva visok kvalitet DNK.

Pošto je dužina PCR produkta direktno proporcionalna broju ponovaka prisutnih u različitim alelima nekog genskog lokusa, analizom na poliakrilamidnom gelu visoke rezolucije, broj ponovaka se lako procenjuje sa gela. Razdvajanje PCR produkata se može vršiti i kapilarnom elektroforezom na sekvenceru, koji detektuje razlike u dužini fragmenata i od jednog nukleotida, i daje jasan DNK profil ispitivanog genoma. Analiza i interpretacija dobijenih rezultata se kasnije vrši uz pomoć specijalizovanih softvera.

Jedan od glavnih nedostataka SSR markera su visoki troškovi za dizajniranje prajmera, ukoliko su adekvatni prajmeri za određene vrste nedostupni, što otežava njihovu primenu na nedovoljno proučavanim vrstama.

SSR markeri pokazuju visok nivo polimorfizma. Kao rezultata toga, oni su veoma informativni markeri koji mogu da se koriste za mnoge genetičke analize, od nivoa jedinke, pa do blisko povezanih vrsta. SSR markeri se smatraju idealnim markerima za mapiranje gena (Jarne i Lagoda, 1996). Oni su korisni za procenu genetičke varijabilnosti kolekcija germplazme (Mohammadi i Prasanna, 2003). SSR markeri vezani za gene poznate funkcije mogu biti testirani za povezanost sa fenotipskim varijacijama i nekim drugim biološkim funkcijama (Ayers i sar., 1997).

3.3. Proučavanje diverziteta odabranih genotipova plavog patlidžana primenom molekularnih genetičkih markera

Analiza populacija poreklom iz različitih geografskih područja je značajna za procenu genetičkog diverziteta. U cilju procene genetičkog diverziteta, kao i razlikovanja plavog patlidžana i srodnih *Solanum* vrsta, korišćeni su molekularni i biohemijski pristupi (izozom).

Ranije studije diverziteta plavog patlidžana su uključivale rezultate nekoliko analiza hloroplastne DNK (Sakata i sar., 1991; Sakata i Lester, 1997) i izozoma (Isshiki i

sar., 1994a, b, c; Karihaloo i Gottlieb, 1995; Kaur i sar., 2004). Kasnije su korišćeni zastupljeniji i polimorfiji markeri kao što su RFLP markeri (Issiki i sar., 1998; Issiki i sar., 2003; Doganlar i sar., 2002a) i RAPD markeri (Karihaloo i sar., 1995; 2001; Kashyap i sar., 2003; Singh i sar., 2006; Demir i sar., 2010; Sifau i sar., 2014). U novije vreme za procenu diverziteta kod plavog patlidžana se koriste SSR (Nunome i sar., 2003a, b; Stigel i sar., 2008; Nunome i sar., 2009; Demir i sar., 2010; Sunseri i sar., 2010; Muñoz-Falcon i sar., 2011; Caguiat i Hautea, 2014) i AFLP markeri (Sunseri i sar., 2010).

Molekularni markeri imaju ogroman potencijal za proučavanje genetičkog diverziteta detektujući polimorfizme. Međutim, i pored toga što se plavi patlidžan gaji širom sveta, i ima kako nutritivan, tako i ekonomski značaj, genom ove vrste nije obimno proučavan, kao u slučaju drugih *Solanaceae* (paradajz, paprika i krompir). RAPD markeri su posebno pogodni za korišćenje kod manje poznatih i analiziranih vrsta, jer mogu biti primenjeni bez prethodnog poznavanja DNK sekvence. Od 1990. godine RAPD tehnika se intenzivno koristi u sistematici biljaka, posebno u identifikaciji germplazme i proceni varijacija u cilju uspostavljanja evolucionih veza između vrsta, podvrsta ili populacija i genotipova. RAPD markeri su takođe uspešno korišćeni i za molekularnu karakterizaciju plavog patlidžana (Nunome i sar., 2001).

Tokom poslednjih decenija, mikrosateliti (SSR) su popularni genetički markeri za analize genetičkog diverziteta zahvaljujući njihovoj reproduktivnosti, kodominantnom nasleđivanju, brojnosti i distribuciji u genomu (Powell, 1996). Brojni SSR markeri su identifikovani kod familije *Solanaceae* (Yi i sar., 2006; Bindler i sar., 2007), ali su malobrojni uspostavljeni za plavi patlidžan. Pojedini SSR markeri su uspostavljeni na osnovu podataka iz genomske biblioteke plavog patlidžana i objavljeni su od strane Nunome i sar. (2003, 2009).

Međutim, i uprkos tome, SSR markeri su uspešno korišćeni kod plavog patlidžana u analizama diverziteta (Nunome i sar., 2003a,b; 2009; Prohens i sar., 2005; Stigel i sar., 2008; Demir i sar., 2010; Sunseri i sar., 2010; Ge i sar., 2011; Muñoz-

Falcon i sar., 2011; Tumbilen i sar., 2011), očuvanju (Prohens i sar., 2005; Muñoz-Falcon i sar., 2011) i zaštiti useva (Singh i sar., 2006; Sunseri i sar., 2010; Muñoz-Falcon i sar., 2011).

Kombinovano korišćenje različitih markera obezbeđuje pouzdanije informacije o genetičkom diverzitetu u poređenju sa korišćenjem pojedinačnih marker sistema, a greške i problemi koji se javljaju pri korišćenju pojedinih markera mogu biti prevaziđeni njihovim kombinovanjem (Saker i sar., 2005; Leal i sar., 2010).

3.4. Stabilnost osobina

Jedan od ciljeva u oplemenjivanju i uzgajanju plavog patlidžana je veći prinos i bolji kvalitet plodova, kao i adaptacija na različite spoljne sredine (Borgato i sar., 2007).

Dejstvo ekoloških faktora takođe može uticati na divergenciju. Mnoge forme nastaju kao oblik prilagođenosti na spoljne uslove. Spoljna sredina naročito značajno utiče na oblik izraženosti kvantitativnih osobina. Tada se uočava varijabilnost čak i unutar jedne iste forme po visini, krupnoći ploda i prinosu u zavisnosti od klime, ekspozicije, mesta i načina gajenja (Prodanović i sar., 2015).

Oblik ploda (kruškolik, eliptičan), veličina (dugačak), boja (tamnoljubičasta), sjaj (jak sjaj) (CPVO, 2008) i kvalitet ploda kao i velika količina semena su poželjne karakteristke ploda koje su cilj selekcije ove kulture. Antoncijan, aktivne polifenoloksidaze, glikoalkaloidi takođe utiču na kvalitet ploda (Swarup, 1995).

Stabilan prinos je veoma bitna karakteristika u formiranju visokoprinosnih sorti i hibrida (Aryana, 2009) i ovo svojstvo treba sistemski i kontinuirano pratiti od početnih populacija do testiranja potencijalnih sorti.

Rast biljke je uslovljen funkcijom genotipa i spoljne sredine. Određena biljka odgovara na različite načine na spoljašnje uslove i to predstavlja interakciju genotipa i

okoline. Međutim, izražena interakcija direktno smanjuje značaj genetičkih komponenti koji utiču na konačan izgled biljke (Anniciarico, 2002).

Veliki broj istraživača je u svojim studijama proučavao efekat genotipa, spoljne sredine i njihovu interakciju za vrste koje su veoma značajne (paprika, krompir), a pripadaju porodici *Solanaceae* (Gedif i Yigzaw, 2014; Vitria i sar., 2013).

Plavi patlidžan je bio predmet proučavanja i sa aspekta biološke zaštite od glavnih patogena. Upotreba bakterija antagonista od fuzarionog uvenuća plavog patlidžana *in vitro* bila je opravdana (Đorđević i sar., 2010).

Proučavanjem uticaja germplazme roditelja na kvantitativne osobine paprike (*Capsicum annuum* L.), konstatovano je da je ekspresivnost proučavanih osobina kod svih roditelja i hibridnih populacija u najvećoj meri determinisano uticajem genotipa, dok su uticaji drugih faktora od manjeg značaja (Zečević, 2001).

Analiza komponenta genetičke varijanse pokazala je veći udeo aditivne komponente za nasleđivanje broja plodova po biljci i prosečne mase ploda dok je dominantna komponenta veća od aditivne za masu ploda po biljci kod paradajza (*Lycopersicon esculentum* L.) (Đorđević i sar., 2010).

Utvrđen je manji epistatički efekat između aditivnih gena i dominantnih gena, što je u velikoj meri variralo u zavisnosti od ispitivanih hibrida kukuruza i spoljašnjih uticaja. Više vrednosti dominantnog uticaja gena su dobijene za interakciju hibrid sa spoljnim uticajem u poređenju sa aditivnim genima (Todorović i sar., 2011).

Analiza varijanse je pokazala da je srednja suma kvadrata značajna ($p > 0,01$) za genotipove za sve ispitivane osobine kukuruza (*Zea mays*). Interakcija genotip x godina bila je veoma značajna ($p < 0,01$) za prinos zrna i značajna ($p < 0,05$) za broj zrna u redu (Živanović i sar., 2010).

Akcura i Kaya (2008) smatraju da neparametarska procedura ima nekoliko prednosti u poređenju sa parametarskom stabilnošću. Neparametarska metoda izneta od strane Huehn (1990), Nassar i Huehn (1987), Kang (1988), Fox i sar. (1990), i Thennarasu (1995) bazirana je na rangiranju genotipova u svim spoljašnjim uslovima. Genotipovi se smatraju stabilnim ako su visoko rangirani.

Na osnovu testiranja neparametrijskih metoda za stabilnost primenjena su dva koncepta stabilnosti i to: dinamična (agronomska) i statična (biološka) (Vitria i sar., 2013).

Madhavi Reddy i Sadashiva (2003) su proučavali stabilnost prinosa nekoliko elitnih sorti ljute paprike (*Capsicum annuum* L.) iz različitih zemalja južne Azije.

Rezultati testiranja na različitim lokacijama bi trebalo da omoguće izbor genotipova koji mogu dobro da se prilagode i budu stabilni pod različitim spoljnim uticajima (Sujiprihati i sar., 2006).

Piepho (1988) i Ceccareli (1994) navode da poljoprivredni proizvođači stabilnost prinosa smatraju najznačajnijim socioekonomskim ciljem u biljnoj proizvodnji i to naročito u ekstremnim uslovima spoljašnje sredine, i zbog toga je vrlo bitno u proizvodnji koristiti stabilne sorte koje daju dobre prosečne prinose u različitim agroekološkim uslovima.

Studije stabilnosti prinosa zasnovane na interakciji genotip \times spoljna sredina sprovodili su i drugi istraživači, među kojima su Finlay i Wilkinson (1963), Eberhart i Russell (1966), Francis i Kannenberg (1978), Mattjik i sar. (2011) koji ističu da je interakcija genotipa i okoline vrlo složena, zbog varijacija komponenti spoljašnjih uticaja.

Dimitrijević i sar. (2011) ističu da stabilnost prinosa predstavlja reakciju genotipa na ekološke promene. Takva reakcija gajenih genotipova je poželjna, jer omogućava postizanje sličnih prinosa zrna u različitim ekološkim uslovima, usled niske interakcije genotipa i spoljašnje sredine. Hristov i sar. (2011) navode da je stabilnost

prinosa jedna od osobina prinosa, i genotipovi koji poseduju veliki broj pozitivnih osobina moraju imati i dobru biološku plastičnost i stabilnost osobina koje utiču na ukupan prinos zrna.

Sivakumar i sar. (2015) u svojoj studiji na plavom patlidžanu (*Solanum melongena* L.) navode da analiza varijanse ukazuje na signifikantne razlike između genotipa, spoljne sredine i interakcije genotip \times spoljna sredina, a koje utiču na stabilnost prinosa po biljci.

Nandan i sar. (2011) su kod sedam genotipova *Solanum melongena* i u tri različita uslova spoljne sredine proučavali stabilnost prinosa i komponente prinosa. Analiza varijanse je pokazala značajne razlike između genotipova što je ukazalo na varijabilnost genetičkog materijala.

Interakcija genotipa i sredine može, takođe, ometati proces selekcije i poremetiti izbor dobrih sorti testiranjem (Eberhart i Russell, 1996), i tako otežati donošenje zaključaka da li je testiranje genotipova izvedeno dobro, uzimajući u obzir široki spektar svih mogućih spoljašnjih uticaja (Nasrullah, 1981).

Interakcija genotip \times spoljna sredina značajna je prilikom stvaranja novih sorti i hibrida, a samim tim i u samom procesu oplemenjivanja (Freeman, 1985). Interakcija genotip \times spoljna sredina usporava napredak u oplemenjivanju, otežavajući procenu i selekciju superiornih genotipova. Ovo ima za posledicu selekciju genotipova koji ispoljavaju pozitivnu interakciju sa lokalitetom. Razumevanje kompleksnosti genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije od velike je važnosti za uspeh u oplemenjivanju (Mihaljev i Kraljević-Balalić, 1987). Da bi se dobila sorta koja poseduje umanjenu interakciju genotipa i okoline, mora se postići dobar odnos između stabilnog i visokog prinosa (Petrović i sar., 2009).

Na značajnost interakcije genotip \times spoljna sredina, a koja utiče na sam proces oplemenjivanja, ukazuju sledeći autori (Kang, 1990; Cooper Hammer, 1996; Kempton i

Fox, 1997). Kod mnogih kvantitativnih osobina intenzitet varijabilnosti menja se usled uticaja različitih ekoloških faktora (Frey, 1975).

Aditivni statistički model - ANOVA je dvofaktorijalna analiza varijanse kojom se ukupna suma kvadrata deli na pojedinačne izvore varijacije - glavne efekte i njihove interakcije i koja predstavlja početni korak u identifikaciji interakcije genotipa sa spoljašnjom sredinom. Međutim, ova analiza ne pruža detaljan opis interakcije genotip \times spoljna sredina. ANOVA je efikasna u demonstriranju interakcije, ali ne daje dovoljno informacija o razlikama u odgovoru pojedinačnih genotipova na promene u spoljašnjoj sredini, kao i nemogućnosti biološke interpretacije interakcije kao važnog izvora variranja (Lacaze i Roumet, 2004).

Jedan od najznačajnijih i najviše upotrebljivanih multivarijacionih statističkih modela je AMMI model (metod glavnih efekata i multiplikativne interakcije) prema Gauch i Zobel (1996). Isti autori ga smatraju inicijalnim modelom u analizi podataka iz višelokacijskih ili višegodišnjih oplemenjivačkih ogleda, jer omogućuje analitički pristup u dijagnozi drugih pogodnih statističkih modela za analizu podataka. Veoma je pogodan za razumevanje kompleksnosti odnosa genotipa i spoljašnje sredine (Zobel i sar., 1998; Crossa i sar., 1990). Ova analiza izdvaja veoma značajne komponente interakcije genotip \times spoljna sredina koje nam pružaju informacije od značaja u daljoj selekciji i poljoprivrednoj proizvodnji ispitivanih osobina. Shafii i Price (1998) takođe ističu prednost AMMI modela u situaciji značajne interakcije, a ne značajnih glavnih efekata ili kada na strukturu interakcije utiče jedna ili više ekstremnih vrednosti. Yan i Hunt (2003) navode nekoliko bitnih pitanja na koje možemo dobiti odgovor grafičkim predstavljanjem interakcije AMMI 1 grafikona i to: a) koji je od genotipova postigao najveću prosečnu vrednost ispitivane osobine na ispitivanim lokalitetima, b) u kojoj od ispitivanih lokaliteta je postignuta najveća prosečna vrednost ispitivane osobine svih genotipova, c) identifikacija pozitivnih i negativnih interakcija između genotipova i sredina, d) mogućnost grupisanja ispitivanih sredina e) koja od sredina najviše

diferencira genotipove u odnosu na ispitivanu osobinu. Isti autori navode da veličina interakcije pokazuje uticaj spoljašnje sredine na adaptabilnost i stabilnost, i koja je poželjna osobina samo ukoliko je u vezi sa prinosom iznad proseka. Kod AMMI 1 biplota na x-osi predstavljene su vrednosti glavnih efekata genotipova i lokaliteta, a na y-osi vrednosti skorova za prvu interakcijsku komponentu (IPC1). Svakom genotipu i lokalitetu pripada tačka, čija je prva koordinata glavnog efekta, dok je druga koordinata interakcijski skor dobijen pomoću AMMI modela. Drugačije rečeno, projekcija hibrida odnosno lokaliteta na x-osu ukazuje na razlike u glavnim efektima, dok projekcija na y-osu ukazuje na razlike u interakcijskom efektu. Genotipovi i lokaliteti sa velikim IPC1 skorovima, bilo pozitivnim ili negativnim, proizvode veliki interakcijski efekat. Međutim, mali IPC1 skorovi genotipova ukazuju da su stabilniji, odnosno da su pod manjim uticajem spoljašnje sredine (Zobel i sar., 1988).

AMMI 2 biplot se primenjuje u slučajevima kada je procenat objašnjenja varijacije interakcije u prvoj glavnoj komponenti manji od 50%. Tada se vrednosti IPC1 nanose na apscisu, a IPC2 na ordinatu. Odnosi između genotipova i sredina kod AMMI 2 biplota su određeni veličinom ugla između njihovih vektora i dužinom vektora koja ukazuje na jačinu interakcije pojedinačnog genotipa ili sredine (Kroonenberg, 1995).

Neki domaći autori su već koristili AMMI analizu i publikovali dobijene rezultate. Babić i sar. (2010) su primenom AMMI modela analizirali interakciju genotip \times spoljna sredina kod kukuruza, Hristov i Mladenov (2005), Petrović i sar. (2005), Petrović i sar. (2010) kod pšenice, Tančić i sar. (2011) kod suncokreta, Marjanović-Jeromela i sar. (2011) kod uljane repice, kod dinje Girek i sar. (2013) kod kupusa Adžić (2015). U svetu su AMMI analizu koristili i kod pirinča (Mahalingam i sar., 2006), boba (Flores i sar., 1996) i drugih biljnih vrsta.

U svojim istraživanjima na uljanoj repici (*Brassica napus* L.) Marjanović-Jeromela (2005) takođe ističe značajnost razlika za interakciju sorta \times godina za prinos i komponente prinosa semena uljane repice.

Gauch (1992) u svojim ispitivanjima navodi da je zbir prvih glavnih komponenti u korelaciji sa dužinom sezone uzgajanja soje.

Signifikantne interakcije genotip \times spoljna sredina kod ljute paprike (*Capsicum annuum* L.) i različite vrednosti prinosa uočili su u svom radu Souch i sar. (1981) i Lohithaswa i sar. (2000), Doshi i Shukla (2000), Senapati i Sarkar (2002), Nehru i sar, (2003) i Wani i sar. (2003). AMMI analizu i stabilnost prinosa plodova ljute paprike ispitivali su Anand i sar. (2006) i Vijayaragavan (2008).

Kombinovana analiza na ljutoj paprici (*Capsicum annuum* L.) je pokazala značajne razlike između genotipova, lokacije i interakcije genotip \times lokacija. 83,5% se odnosilo na efekat spoljne sredine, 8,33% na efekat genotipa i na interakciju genotip \times spoljna sredina 8,16% (Muhamed i sar., 2011). Isti autori navode da je koeficijent varijabilnosti za 11 genotipova i 6 lokacija bio 26,22%.

Analizom varijanse (AMMI) je utvrđeno da postoje značajne razlike između genotipova, tretmana, rokova setve, godina i njihove interakcije na vreme cvetanja kupusa i to 62,67% ukupne sume kvadrata se odnosilo na efekat spoljne sredine (Ađžić, 2015).

Interakcija genotip \times spoljna sredina predstavlja za oplemenjivače jedan od glavnih faktora koji ograničavaju selekciju i uopšte sam proces oplemenjivanja. Ngeve (1993) u svojim istraživanjima zaključuje da interakcija genotip \times spoljna sredina predstavlja ozbiljan problem, jer utiče na dobijanje nepouzdanih rezultata prinosa i adaptabilnosti genotipa.

Za analizu genotip \times spoljna sredina postoje statistički instrumenti kojim oplemenjivači vrednuju adaptabilnost sorte i roditelja za ukrštanje, a sve u cilju poboljšanja genotipova sa željenom adaptabilnošću (Lin i Binns, 1988).

Pretpostavlja se da varijabilnost kod genotipova koja nastaje pod uticajem interakcije x spoljna sredina, proizilazi iz različitog reagovanja genotipova na određene edafske, klimatske i biotičke faktore (Dixon i sar., 1991).

Interakcija između sorti i spoljašnjih sredina, najbolje je da se predvidi na osnovu prve dve glavne komponente genotipa i spoljne sredine, biplotovi sa prve dve glavne komponente služe da pomognu selekcionarima da sagledaju celu sliku ponašanja genotipova, spoljne sredine i interakcije genotip × spoljna sredina (Manrique and Hermann, 2000; Kaya i sar., 2002; Tarakanovas i Ruzgas, 2006).

4. RADNE HIPOTEZE

Osnovna hipoteza od koje se polazi je da kod proučavanih genotipova plavog patlidžana postoji značajno variranje u okviru fenotipske ekspresije najvažnijih kvantitativnih osobina, koje su prouzrokovane genetičkim i ekološkim faktorima, kao i njihovom međusobnom interakcijom. Za oplemenjivanje plavog patlidžana veliki značaj će imati genotipovi kod kojih je u manjoj meri izražena interakcija genotip × spoljna sredina, kao jedan od izvora variranja. Zatim, polazi se od pretpostavke da će se ispoljiti značajna genetička varijabilnost između ispitivanih genotipova i da će se dobiti značajne razlike između dvadeset proučavanih genotipova.

Očekuje se da analiza rezultata DNK markera bude u saglasnosti sa rezultatima dobijenim klasičnim metodama selekcije, odnosno da se varijabilnost može oceniti primenom DNK markera. Razvrstavanjem genotipova na bazi DNK markera značajno bi se skratio postupak oplemenjivanja, budući da laboratorijske analize traju znatno kraće nego testiranja u polju.

Na osnovu vrednosti proučavanih karakteristika i njihovih razlika, očekuje se da će se izdvojiti sorte sa poželjnim osobinama, koje bi mogle da posluže kao roditeljske komponente u daljem oplemenjivačkom radu.

5. MATERIJAL I METOD RADA

5.1. Materijal

Biljni materijal koji se koristio za istraživanje sastojao se od 20 perspektivnih genotipova (selekcioni materijal) plavog patlidžana (tabela 1). Celokupni genetički materijal deo je kolekcije Instituta za povrtarstvo u Smederevskoj Palanaci. Izabrani genotipovi predstavljaju veoma divergentan genetički materijal. Od ukupnog broja ispitivanih genotipova, 16 je poreklom iz Srbije, a četiri su stranog porekla.



Slika 2. Genotipovi plavog patlidžana korišćeni kao materijal

Tabela 1. Biljni materijal plavog patlidžana (*Solanum melongena* L.)

Naziv genotipa	Poreklo	Godina unosa u kolekciju
K 1	Srbija	1996
K 3	Srbija	1996
K 6	Srbija	1996
K 7	Srbija	1996
K 8/1	Srbija	1997
K 10	Srbija	1997
K 12	Srbija	1997
K 13	Srbija	1999
K 15	Srbija	1999
K 16	Srbija	2000
K 19	Italija	2000
K 20	Srbija	2000
K 21	Srbija	2001
K 22	Holandija	2001
K 25	Holandija	2001
K 34	Srbija	2003
K 35	Srbija	2003
K 36	Srbija	2003
K 38	Izrael	2004
K 39	Srbija	2004

5.2. Metode rada

5.2.1. Postavka ogleda

Ogled je postavljen u toku 2015. godine na tri lokaliteta: Smederevska Palanka (ogledno polje Instituta za povrtarstvo), Vranovo i Kusadak. Eksperiment je postavljen po potpuno slučajnom blok sistemu u tri ponavljanja. Površina osnovne parcele iznosila je 56 m². U svakom ponavljanju za svaki genotip postavljeno je po 10 biljaka u redu. Dužina redova bila je 4 m, a razmak između redova 0,70 m dok je rastojanje između biljaka u redu bilo 0,40 m. Biljke u ogledu su rasađene 3. juna u Smederevskoj Palanci, u Kusatku 5. juna, a na lokalitetu Vranovo 8. juna. U toku vegetacije na sva tri lokaliteta sprovedene su redovne agrotehničke mere. Tip zemljišta na lokaciji oglednog polja Instituta za povrtarstvo je aluvijalna smonica. Na lokaciji Vranovo i Kusadak tip zemljišta je gajnjača.



Slika 3. Ogledno polje plavog patlidžana – Smederevska Palanka

5.2.2. Agroekološki uslovi na ispitivanim lokalitetima

5.2.2.1. Prosečna temperatura vazduha

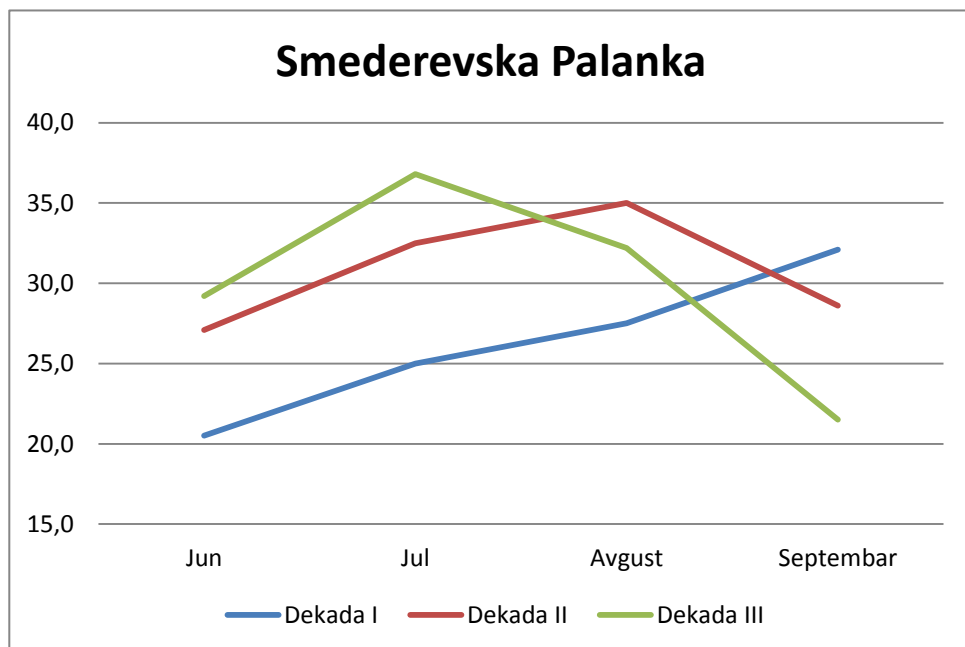
Podaci Hidrometeorološkog zavoda Srbije za lokalitete Smederevska Palanka (geografska širina 44°21'24.79"N, geografska dužina 20°56'55.70"E, nadmorska visina 103 m), Vranovo (geografska širina 44°36'6.35"N, geografska dužina 20°59'55.47"E, nadmorska visina 87 m) i Kusadak (geografska širina 44°24'6.73"N, geografska dužina 20°56'30.52"E, nadmorska visina 175 m) u toku 2015. godine ukazali su na visoke temperature. Prosečne temperature vazduha na sva tri različita lokaliteta bile su veće od višegodišnjeg proseka (tabela 2). U periodu razvijanja vegetativnih organa i cvetanja kod biljaka plavog patlidžana, prosečne temperature kretale su se u opsegu od 20,5-29,2°C na lokalitetu Smederevska Palanka, Kusadak 19,8-26,5°C i Vranovo 21,0-27,8°C.

Tabela 2. Prosečna temperatura vazduha (°C) za lokalitete Smederevska Palanka, Kusadak i Vranovo za period jun-septembar 2015. godine kao i višegodišnji prosek (2000-2010)

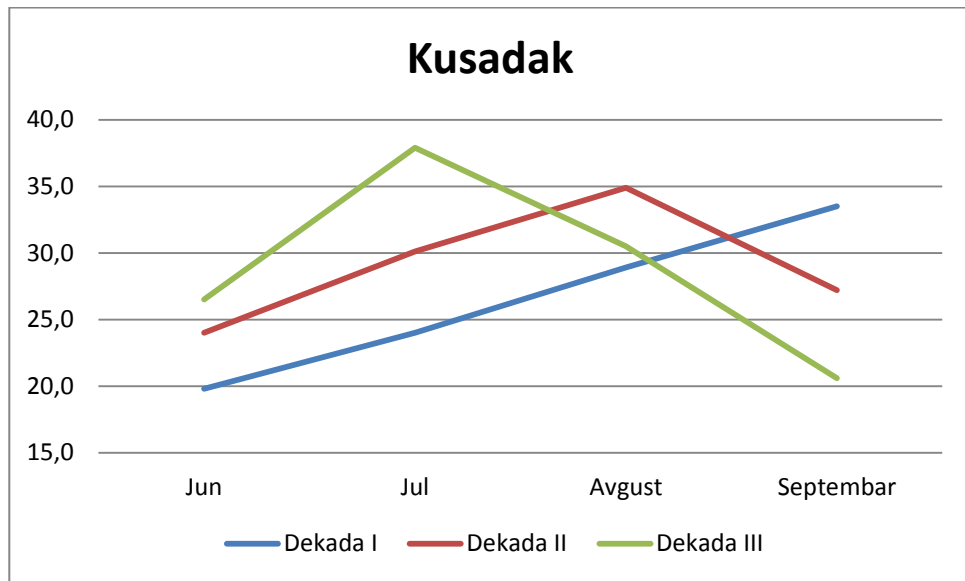
Lokalitet	Dekada	Mesec			
		Jun	Jul	Avgust	Septembar
Smederevska Palanka	I	20,5	25,0	27,5	32,1
	II	27,1	32,5	35,0	28,6
	III	29,2	36,8	32,2	21,5
	\bar{X}	25,6	31,4	31,5	27,4
Kusadak	I	19,8	24,0	28,9	33,5
	II	24,0	30,1	34,9	27,2
	III	26,5	37,9	30,5	20,6
	\bar{X}	23,4	30,6	31,4	27,1
Vranovo	I	21,0	23,9	29,3	35,0
	II	25,6	34,5	37,2	26,5
	III	27,8	38,5	33,4	22,1
	\bar{X}	24,8	32,3	33,3	27,8
Višegodišnji prosek (2000-2010)					
Smederevska Palanka		19,2	20,9	20,7	17,1
Kusadak		18,3	23,2	18,9	19,2
Vranovo		17,9	21,2	19,8	18,7

Na osnovu klimadijagrama prikazanog na grafikonima 1, 2 i 3, možemo da vidimo da su na sva tri lokaliteta zabeležene dosta visoke prosečne temperature vazduha, naročito u drugoj i trećoj dekadi jula, faza zametanja plodova kada su bile preko 30°C.

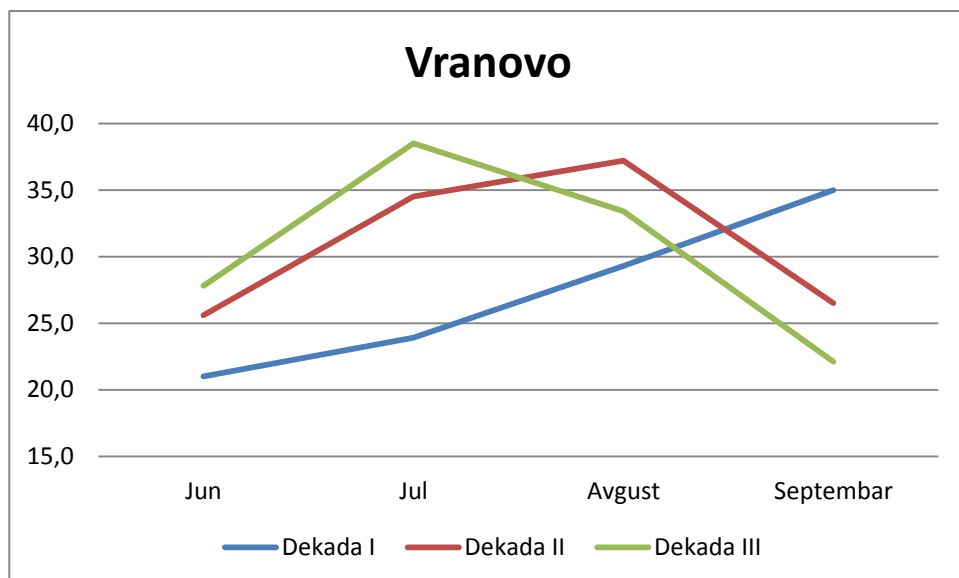
Faza sazrevanja plodova je takođe protekla na visokim temperaturama (avgust i septembar). U ovim mesecima zabeležene su značajno više temperature u poređenju sa višegodišnjim prosekom.



Grafikon 1. Klimadijagram prosečne temperature vazduha (°C) za Smederevsku Palanku za period jun-septembar 2015. godine



Grafikon 2. Klimadijagram prosečne temperature vazduha (°C) za Kusadak za period jun-septembar 2015. godine



Grafikon 3. Klimadijagram prosečne temperature vazduha (°C) za Vranovo za period jun-septembar u 2015. godine

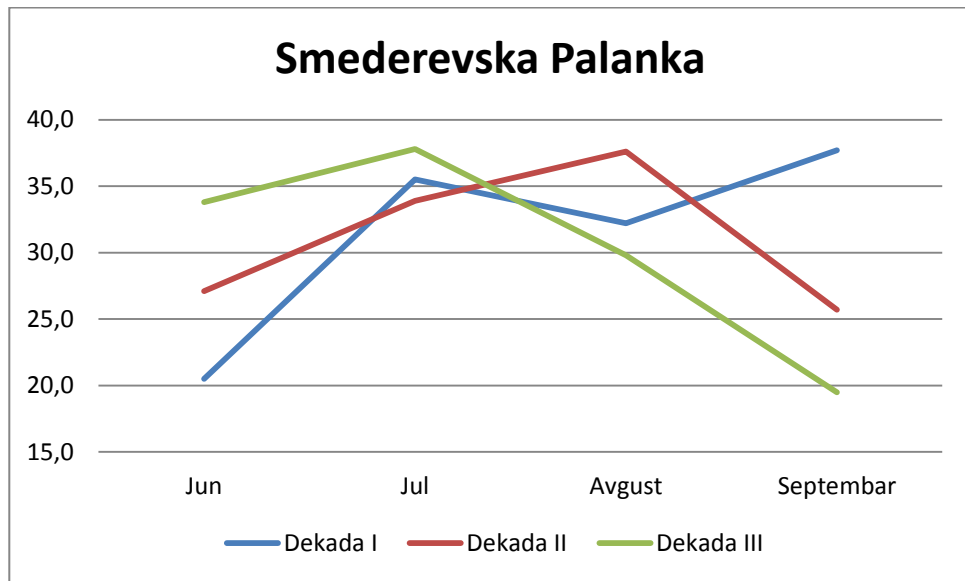
5.2.2.2. Maksimalna temperatura

U tabeli 3 su prikazane apsolutne maksimalne temperature za period jun-septembar u 2015. godini. Na lokalitetu Smedrevska Palanka apsolutne maksimalne temperature bile su 33,8°C (jun), 37,8°C (jul), 37,6°C (avgust), 37,7°C (septembar). Na lokalitetu Kusadak maksimalne temperature po mesecima jun, jul, avgust i septembar bile su: 30,3°C, 35,9°C, 36,0°C, 35,5°C. I na trećem lokalitetu Vranovo zabeležene su sledeće temperature: 33,1°C (jun), 35,9°C (jul), 35,5°C (avgust), 38,0°C (septembar).

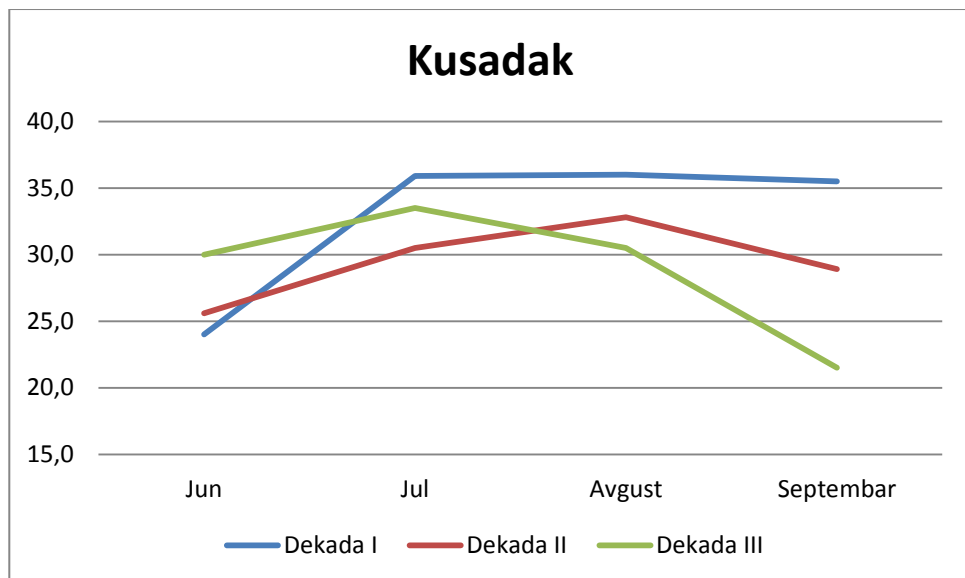
Tabela 3. Apsolutne maksimalne temperature (°C) za lokalitete Smedrevska Palanka, Kusadak i Vranovo za period jun-septembar u 2015. godini

Lokalitet	Dekada	Mesec			
		Jun	Jul	Avgust	Septembar
Smedrevska Palanka	I	20,5	35,5	32,2	37,7
	II	27,1	33,9	37,6	25,7
	III	33,8	37,8	29,8	19,5
Kusadak	I	24,0	35,9	36,0	35,5
	II	25,6	30,5	32,8	28,9
	III	30,0	33,5	30,5	21,5
Vranovo	I	22,5	34,1	34,5	38,0
	II	29,8	32,8	35,5	27,9
	III	33,1	35,9	32,8	23,1

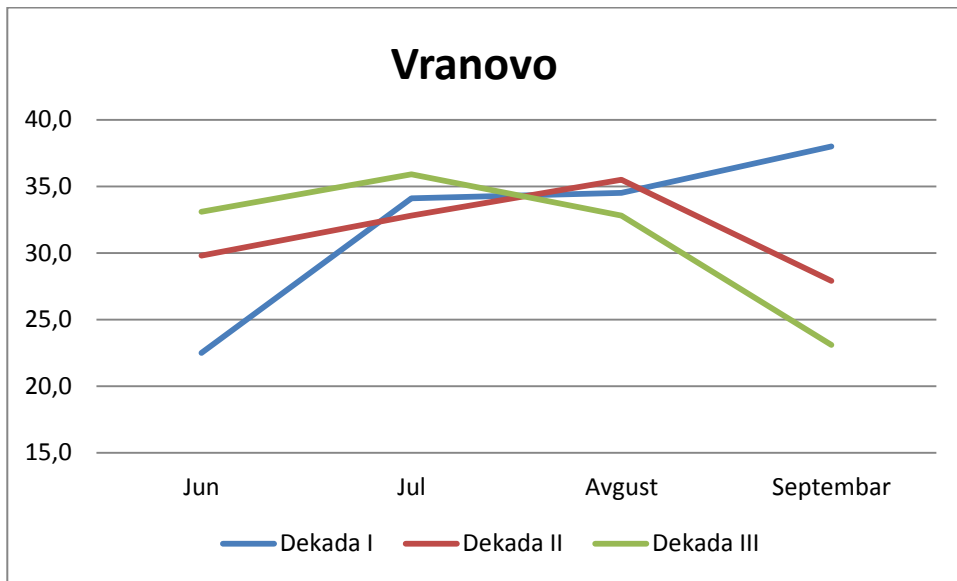
Na grafikonima 4, 5 i 6 prikazani su klimadijagrami sa maksimalnim temperaturama na lokalitetima Smedrevska Palanka, Kusadak i Vranovo.



Grafikon 4. Klimadijagram - maksimalne temperature (°C) za Smederevsku Palanku za period jun-septembar u 2015. godini



Grafikon 5. Klimadijagram - maksimalne temperature (°C) za Kusadak za period jun-septembar u 2015. godini



Grafikon 6. Klimadijagram - maksimalne temperature (°C) za Vranovo za period jun-septembar u 2015. godini

5.2.2.3. Padavine

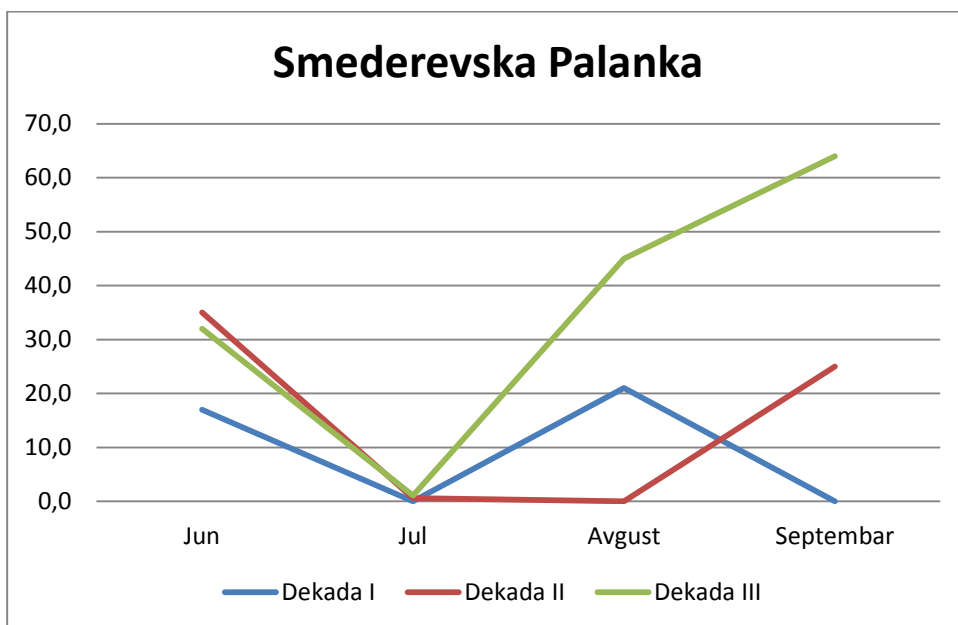
U 2015. godini ukupna suma padavina na lokalitetima Kusadak (152,2 mm) i Vranovno (139,6 mm) bila je manja u odnosu na višegodišnji prosek padavina. U Smederevskoj Palanci je iznosila 240,7 mm, što je više od višegodišnjeg proseka. U fazi ukorenjavanja i vegetativnog porasta (jun), u Smederevskoj Palanci su zabeležene najveće količine padavina (84 mm). U periodu cvetanja, a kasnije i u procesu sazrevanja, bilo je vrlo malo padavina, a najviše na lokalitetu Vranovo (9,6 mm). U avgustu i septembru su registrovane padavine na sva tri lokaliteta u periodu kada biljka ulazi u tehnološku zrelost (tabela 4).

U toku eksperimentalne godine, raspored i količina padavina nije bila dovoljna za nesmetan rast i razviće plavog patlidžana, pa je bilo neophodno dodatno zalivanje.

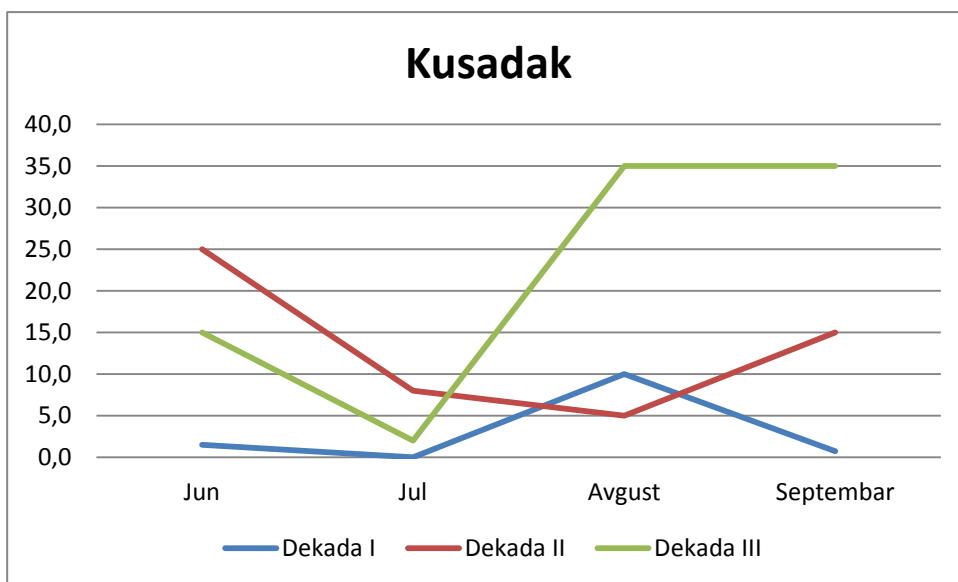
Tabela 4. Ukupna suma padavina (mm) za lokalitete Smederevska Palanka, Kusadak i Vranovo za period jun-septembar u 2015. godini i višegodišnji prosek (2000-2010)

Lokalitet	Dekada	Mesec				Σ
		Jun	Jul	Avgust	Septembar	
Smederevska Palanka	I	17,0	0,0	21,0	0,0	240,7
	II	35,0	0,6	0,0	25,0	
	III	32,0	1,1	45,0	64,0	
	Σ	84,0	1,7	66,0	89,0	
Kusadak	I	1,5	0,0	10,0	0,7	152,2
	II	25,0	8,0	5,0	15,0	
	III	15,0	2,0	35,0	35,0	
	Σ	41,5	10,0	50,0	50,7	
Vranovo	I	3,5	5,0	16,0	0,5	139,6
	II	15,0	2,8	3,0	15,0	
	III	35,0	1,8	22,0	30,0	
	Σ	43,5	9,6	41,0	45,5	
Višegodišnji prosek (2000-2010)						
Smederevska Palanka		74,0	46,0	40,0	28,0	188,0
Kusadak		81,0	48,0	37,0	38,0	204,0
Vranovo		79,0	53,0	39,0	43,0	214,0

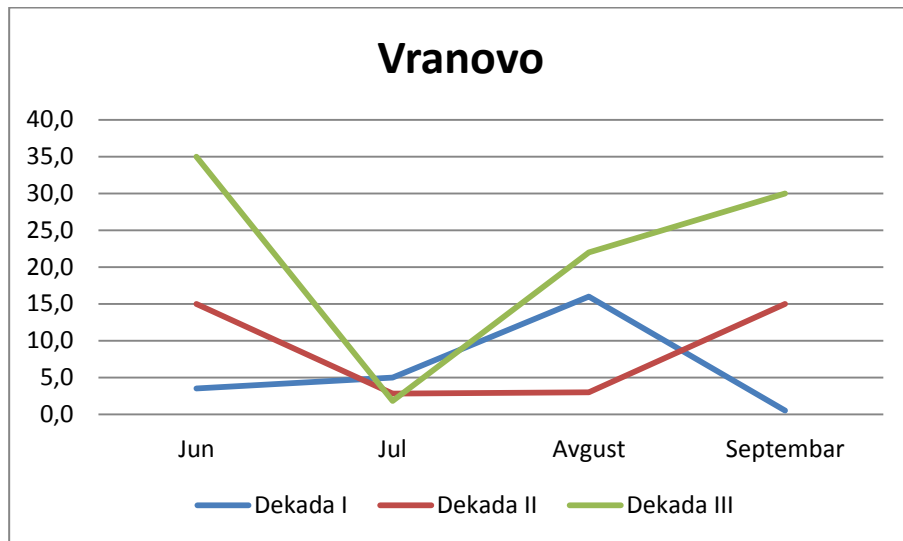
Na osnovu klimadijagrama prikazanih na grafikonima 7, 8 i 9 vidimo da je najmanja količina padavina bila u julu na sva tri lokaliteta i to u fazi cvetanja i zametanja plodova (Smederevska Palanka 1,7 mm, Kusadak 10,0mm i Vranovo 9,6 mm).



Grafikon 7. Klimadijagram - maksimalne padavine (mm) za Smederevsku Palanku za period jun-septembaru 2015. godini



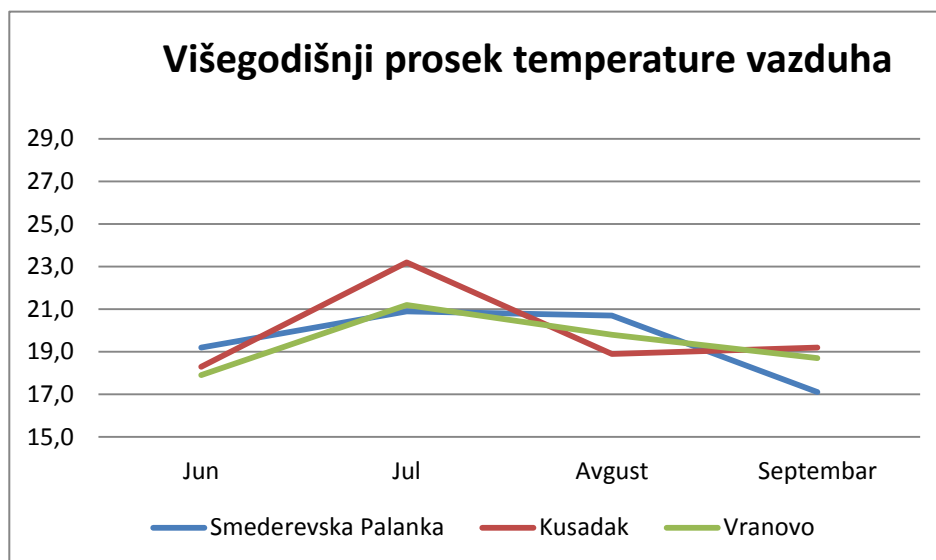
Grafikon 8. Klimadijagram - maksimalne padavine (mm) za Kusadak za period jun-septembar u 2015. godini



Grafikon 9. Klimadijagram - maksimalne padavine (mm) za Vranovo za period jun-septembar u 2015. godini

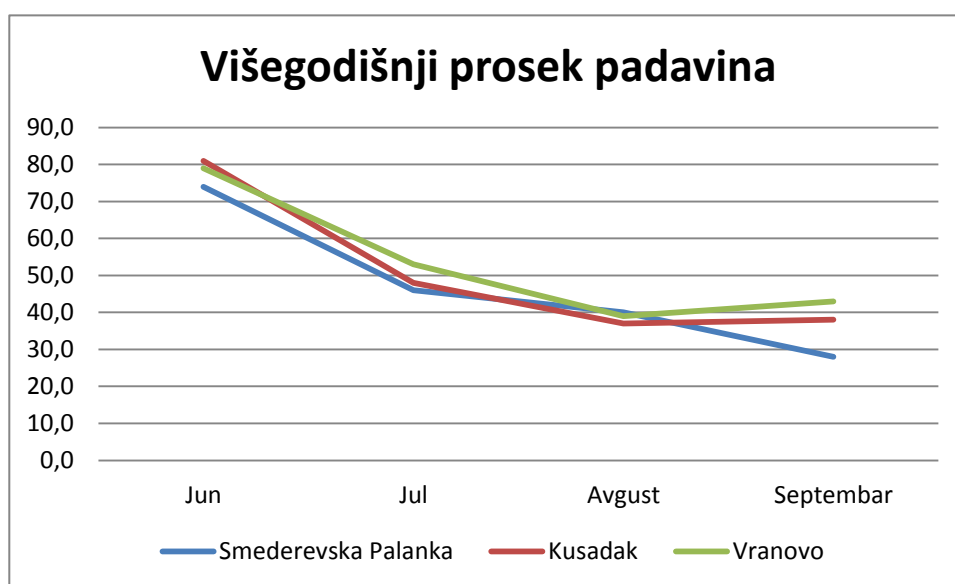
5.2.2.4. Višegodišnji prosek prosečne temperature i padavina

Na grafikonu 10 možemo da vidimo da su prosečne temperature vazduha za period 2000-2010. godine bile dosta manje u odnosu na 2015. godinu.



Grafikon 10. Klimadijagram za višegodišnji prosek (2000-2010) temperature vazduha (°C) za Smederevsku Palanku, Kusadak i Vranovo

Na grafikonu 11 prikazan je klimadijagram za višegodišnji prosek padavina (mm) za Smederevsku Palanku, Kusadak i Vranovo. U odnosu na višegodišnji prosek po lokacijama (188 mm u Smederevskoj Palanci, 204 mm u Kusatku i 214 mm u Vranovu), količina padavina u 2015. godini bila je veća za 52,7 mm u Smederevskoj Palanci. Suprotno tome, količina padavina na druga dva lokaliteta bila je manja u poređenju sa višegodišnjim prosekom (za 51,8 mm u Kusatku i 74,4 mm u Vranovu). Na osnovu ovih podataka možemo da zaključimo da je raspored padavina neravnomerno raspoređen i da je u julu bio vrlo sušan period, koji je bio važan za zametanje, a septembar za sazrevanje plodova (tabela 4).



Grafikon 11. Klimadijagram za višegodišnji prosek (2000-2010) padavina (mm) za Smederevsku Palanku, Kusadak i Vranovo

5.2.3. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine primenom AMMI analize

U toku vegetacione sezone vršena su merenja biljaka i ploda u fazi tehnološke zrelosti i to za sledeće osobine: prinos po biljci, težina ploda, broj plodova po biljci, dužina ploda, širina ploda, visina biljke i ranostasnost.

Jedan od modela multivarijacione analize koji se često koristi za analizu interakcija genotip \times spoljna sredina je AMMI model (Gauch i Zobel, 1996). Ova interakcija genotip \times spoljna sredina ($G \times L$) je vrlo značajna u programima oplemenjivanja biljaka kao i kod uvođenja novih sorti i hibrida u proizvodnju jedne zemlje (Freeman, 1985). Gauch (1988, 1992) je predložio upotrebu AMMI analize u poljskim ogledima. AMMI analiza (eng. *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Models*) je kompleksna statistička analiza koja se sastoji iz dve statističke procedure: 1) Analiza varijanse i 2) Metod glavnih komponenti (PCA – eng. *Principal components analysis*). AMMI analizom se preračunavaju vrednosti glavnih komponenti genotipova i sredina koje predstavljaju $G \times L$ interakciju (Naveed i sar., 2007).

Na osnovu AMMI analize može se zaključiti koji genotipovi slično reaguju u različitim uslovima i koje sredine imaju sličan uticaj na ispitivane genotipove. Mogu se dobiti i drugi rezultati koji su od praktičnog značaja za pred oplemenjivanje i proizvodnje različitog sortimenta na brojnim lokacijama i različitim spoljnim uslovima.

AMMI model se utvrđuje na osnovu broja osa glavnih komponenti, i prikazuje se grafički biplotom. Na AMMI 1 biplotu glavni efekti (G i L) se prikazuju na apscisi, a vrednosti prve glavne komponente na ordinati (Zobel i sar., 1988). AMMI 2 biplot pokazuje odnos prve i druge glavne komponente.

Ukoliko je vrednost prve glavne komponente genotipa ili sredine blizu nule, može se zaključiti da taj genotip, odnosno spoljna sredina, imaju mali efekat interakcije. Kada su genotip i sredina istog znaka, bilo pozitivnog ili negativnog, njihova

interakcija je pozitivna, a ukoliko su različitog znaka interakcija im je negativna (Mahalingam i sar., 2006).

Izračunata vrednost AMMI stabilnosti (ASV) je u cilju rangiranja genotipova u pogledu stabilnosti. Korišćena je formula (Purchase I Hatting, 2000).

ASV = vrednost AMMI stabilnosti;

SS = suma kvadrata;

PC1 = prva glavna komponenta;

PC2 = druga glavna komponenta.

$$ASV = \sqrt{\left[\frac{SSPC1}{SSPC2} (\text{vrednost PC1}) \right]^2 + [\text{vrednost PC2}]^2}$$

AMMI analiza je rađena uz pomoć *R software*, verzija 2.15.2 (*A Language and Environment, Copyright 2012*).

5.2.4. Statistička obrada podataka

U cilju utvrđivanja statistički značajnih razlika između genotipova i lokaliteta korišćena je analiza varijanse (ANOVA), a testiranje značajnosti razlika između sredina korišćen je LSD-test (Hadživuković, 1991).

Statistička analiza je obuhvatila izračunavanje deskriptivnih statističkih parametara za sve navedene kvantitativne vrednosti (srednja vrednost, standardna greška, standardna devijacija). Korišćen je paket Microsoft office Excel, 2010.

5.2.5. Molekularna analiza genotipova plavog patlidžana primenom PCR

5.2.5.1. Izolacija DNK

Preliminarno je testirano 15 RAPD prajmera na 5 genotipova, kod 10 je konstatovan visok stepen polimorfizma i iskorišćeni su dalju analizu genetičke varijabilnosti 20 genotipova plavog patlidžana (16 lokalnih i 4 genotipova stranog porekla).

Izolacija DNK iz klijanaca odabranih genotipova plavog patlidžana vršena je modifikovanom CTAB metodom (Zhou i sar., 1994).

Oko 250 mg lista je homogenizovano u tečnom azotu u sterilnom avanu, nakon čega je dobijeni prah resuspendovan u 600 µl CTAB ekstrakcionog pufera (2% (w/v) CTAB (cetil-trimetil-amonijum bromid); 1,4 mM NaCl; 20 mM EDTA pH=8,0; 100 mM Tris/HCl pH=8,0; 1% (w/v) PVP-40 (polivinilpirolidon, Mr 40); 0,5% (v/v) merkaptoetanol) i prenet u mikrotube volumena 1,5 ml. Mikrotube su inkubirane u vodenom kupatilu 20 min. na 56°C uz povremeno mućkanje invertovanjem. Po završetku inkubiranja mikrotube su prohlađene na sobnoj temperaturi i u svaku je dodato po 600 µl smeše hloroform: izoamil alkohol (24:1). Sadržaj je izmešan blagim vorteksovanjem radi stvaranja emulzije, nakon čega je centrifugirana 10 min. na 13400 rpm na sobnoj temperaturi. Tokom centrifugiranja dolazilo je do razdvajanja emulzije na gornju - vodenu i donju - organsku fazu. Pipetom je pažljivo prenet gornja vodena faza u kojoj se nalaze DNK i RNK u nove mikrotube i ponovljen je korak ekstrakcije sa rastvorom hloroform: izoamil alkohol (24:1). Nakon prebacivanja vodene faze u nove mikrotube, u svaku je dodato po 750 µl hladnog izopropanola, blago izmešano i stavljeno na -20°C najmanje 30 min. radi precipitacije DNK. Sadržaj je centrifugiran 5 min. na 13000 rpm, i nakon toga pažljivo je odbačen supernatant. Talog DNK je ispran hladnim 70% etanolom, centrifugiran 5 min. na 13000 rpm, odbačen supernatant i talog prosušen na sobnoj temperaturi. Osušeni talog DNK je resuspendovan u 200 µl TE

pufera (10 mM Tris/HCl, pH=8,0; 1 mM EDTA) i tube su ostavljene na 4°C preko noći. Radi uklanjanja RNK u svaku tubu je narednog dana dodato po 0,5 µl RNaze A (10 mg ml⁻¹), a zatim su tube inkubirane 45 min. na 37°C. Nakon delovanja RNaze u svaku tubu je dodato po 200 µl smeše hloroform: izoamil alkohol (24:1), smeša je blago izmešana invertovanjem tubica i centrifugirana 10 min. na 13400 rpm. Dobijeni supernatant je DNK izolat.

Određivanje koncentracije i provera kvaliteta izolovane DNK

Kvantitet i kvalitet izolovane DNK su određivani spektrofotometrijski i elektroforezom na agaroznom gelu. Absorbanca izolovane DNK je merena na spektrofotometru (Agilent 8453, Santa Clara, CA, SAD) i na osnovu nje izračunata je koncentracija DNK u uzorku prema formuli:

$$c (\mu\text{g } \mu\text{l}^{-1}) = (A_{260} \times R \times 50 \mu\text{g } \mu\text{l}^{-1}) / 1000$$

A_{260} = absorbanca izmerena na talasnoj dužini od 260 nm

R = faktor razblaženja (100),

50 µg µl⁻¹ – koncentracija dvolančane DNK pri $A_{260}=1$

Kontaminacija uzoraka DNK je moguća i uglavnom potiče od proteina ili polisaharida. Odnos A_{260}/A_{230} pokazuje nivo kontaminacije polisaharidima i poželjno je da se ovaj koeficijent kreće u granicama 2,2-2,5. U cilju određivanja stepena kontaminacije DNK proteinima vrše se i dodatna merenja na 280 nm (λ_{max} za proteine) i računa odnos A_{260}/A_{280} koji je za čiste izolate DNK u opsegu 1,8-2,0.

Integritet DNK je određen elektroforetskim razdvajanjem uzorka DNK na 1% (w/v) agaroznom gelu (PeqGold Universal agaroz). Elektroforeza se odvijala u aparatu za horizontalnu elektroforezu (Pharmacia Biotech, Švedska) i tekla je oko 3 sata u 1 × TBE puferu (napravljen razblaženjem 5 × TBE pufera: 0.9M Tris-Cl, 0.02M EDTA, 0.9M

H3B03; pH=8.0), pri naponu od 80V. Signali na gelu su vizuelizovani pod UV svetlom transiluminatora talasne dužine od 266 nm (Vilber Lourmat, Nemačka).

5.2.5.2. Genetička karakterizacija RAPD markerima

Komponente i uslovi za PCR

Molekularna karakterizacija odabranih genotipova plavog patlidžana je urađena sa 10 RAPD markera. Sekvence prajmera korišćenih za PCR amplifikacije su date u tabeli 5.

Tabela 5. Naziv i sekvence RAPD prajmera korišćenih u analizi genotipova plavog patlidžana

	Naziv prajmera	Sekvenca 5' → 3'	Referenca
1.	OPH-02	TCGGACGTGA	Demir i sar. (2010)
2.	OPB-07	GGTGACGCAG	Demir i sar. (2010)
3.	OPF-02	GAGGATCCCT	Kumchai i sar. (2013)
4.	OPF-03	CCTGATCACC	Kumchai i sar. (2013)
5.	OPF-04	GGTGATCAGG	Kumchai i sar. (2013)
6.	OPC-05	GATGACCGCC	Singh i sar. (2006)
7.	OPC-09	CTCACCGTCC	Singh i sar. (2006)
8.	OPC-14	TGCGTGCTTG	Singh i sar. (2006)
9.	OPB-01	GTTTCGCTCC	Moury i sar. (2000)
10.	OPAF-16	TCCCGGTGAG	Moury i sar. (2000)

Reakcija se odvijala u 20 µl reakcione PCR smeše, koja je sadržala komponente prikazane u Tabeli 6.

Tabela 6. Sastav reakcione smeše RAPD-PCR reakcije

Komponentne PCR smeše	Koncentracije stoka	Finalna koncentracija
PCR pufer	10 X	1 X
Nukleotidi	2 mM	0.3 mM
RAPD prajmer	10 µM	0.3 µM
Taq polimeraza	5 U/µl	1.5 U
DNK		50 ng

Sve PCR reakcije sa navedenim RAPD prajmerima urađene su pomoću DreamTaq Green DNA Polymerase (Fermentas, Litvanija) i odvijale su se u PCR mašini (Mastercycler ep., Eppendorf) pri sledećim uslovima:

- 3 min 94°C
- 40 ciklusa: 1 min 94°C, 1 min 37°C, 2 min 72°C
- 10 min 72°C

Svaka PCR reakcija je ponovljena dva puta za svaki prajmer radi potvrđivanja ponovljivosti rezultata.

Detekcija i analiza umnoženih produkata

Dobijeni RAPD PCR produkti su razdvajani elektroforezom na 2% agaroznom gelu (PeqGold Universal agaroz). Elektroforeza se odvijala u aparatu za horizontalnu elektroforezu (Pharmacia Biotech, Švedska) i tekla je 2 h u 1 × TBE puferu (napravljen

razblaženjem 5 × TBE pufera: 0.9M Tris-Cl, 0.02M EDTA, 0.9M H₃B03; pH = 8.0), pri naponu od 100V. Gel je analiziran pod UV svetlošću transiluminatora talasne dužine od 266 nm (Vilber Lourmat, Nemačka). Profili traka su zapisani u binarnom kodu kao odsustvo (0) ili prisustvo (1) određene trake. Za određivanje dužine fragmenata korišćeni su 1kb DNK markeri (M₁) i 100 bp Plus (M₂) (GeneRuler 1kb DNA Ladder i GeneRuler 100 bp Plus DNA Ladder, Ready-to-Use, Fermentas, Litvanija).

Korišćeni M₁ DNK marker sadrži fragmente od: 250, 500, 750, **1000**, 1500, 2000, 2500, **3000**, 3500, 4000, 5000, **6000**, 8000, 10000 bp.

Korišćeni M₂ DNK marker sadrži fragmente od: 100, 200, 300, 400, **500**, 600, 700, 800, 900, **1000**, 1200, 1500, 2000, 3000 bp.

5.2.5.3. Statističke metode za molekularne markere

Na osnovu rezultata RAPD analiza utvrđena je struktura polimorfizma populacija.

Za određivanje genetičke sličnosti analiziranih populacija na osnovu RAPD binarne matrice korišćen je Jaccard-ov (1908) koeficijent sličnosti:

$$GS_{ij} = N_{ij} / (N_i + N_j - N_{ij})$$

gde je:

GS_{ij} - indeks genetičke sličnosti

a - prisustvo trake u oba genotipa i j (1,1)

b - prisustvo trake kod genotipa i a odsustvo kod genotipa j (1,0)

c - prisustvo trake kod genotipa j a odsustvo kod genotipa i (0,1)

Radi poređenja rezultata, vrednosti genetičkih sličnosti dobijenih RAPD analizom su transformisane u vrednosti genetičke distance prema formuli: $GD_{ij} = 1 - GS_{ij}$.

Dendrogram je konstruisan na osnovu matrice genetičkih distanci po Jaccard-u korišćenjem UPGMA (*Unweight Pair Group Method with Arithmetic Mean*) metode u softveru Statistica, verzija 8.0.

6. REZULTATI ISTRAŽIVANJA I DISKUSIJA

6.1. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za prinos po biljci

Prinos predstavlja ekonomski vrlo važnu osobinu plavog patlidžana, koja je uslovljena genetskim faktorima, uslovima spoljne sredine kao i njihovom interakcijom.

Rezultati dvofaktorijalne analize varijanse pokazuju visoko značajne razlike između analiziranih genotipova plavog patlidžana na različitim lokalitetima za prinos po biljci. Interakcija genotip × spoljašna sredina (lokalitet) je takođe značajna (tabela 7). Kombinovana ANOVA je pokazala da efekti spoljne sredine, genotipa i interakcije genotip x spoljna sredina za prinos krtola, su visoko signifikantni. Na ukupnu varijansu udeo spoljne sredine je 47,77%, udeo genotipa 8,83% i interakcija genotip × spoljna sredina je 44,07% (Gedif i Yigzaw, 2014).

Tabela 7. ANOVA za prinos po biljci

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljjanje	2	0,01	0,003	0,37 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	135,70	7,142	926,40 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	4,84	2,421	314,06 ^{**}	3,07	4,80
G × L	38	16,15	0,425	55,13 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	0,91	0,008			
Ukupno	179	157,61				

Prosečan prinos po biljci analizirajući 20 genotipova i tri lokaliteta iznosio je 2,47 kg (tabela 8). Signifikantno ($p < 0,01$) veći prinos po biljci od opšteg proseka postigli su genotipovi K13 (3,02 kg), K20 (2,99 kg), K21 (3,44 kg), K34 (4,35 kg), K39 (4,28 kg). Genotip K34 imao je najveći prinos u ogleđima i to na lokalitetu Vranovo (4,71 kg). Na lokalitetu Smederevska Palanka genotip K39 je imao najveću prosečnu vrednost za prinos, dok je najmanju vrednost ispod opšteg proseka imao genotip K1 (1,09 kg). Koeficijent varijacije je bio od 1,37% do 8,40%. Značajno viši prinos po biljci iznad prosečne vrednosti imali su genotipovi na lokalitetu Kusadak (K39) i Vranovo (K34). Genotip K1 (2,66 kg) imao je prinos po biljci na nivou opšteg proseka za Kusadak. Singh i Singh (1979), Iqbal i sar. (1995), Verma (1986) dobili su slične rezultate.

Tabela 8. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za prinos po biljci na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

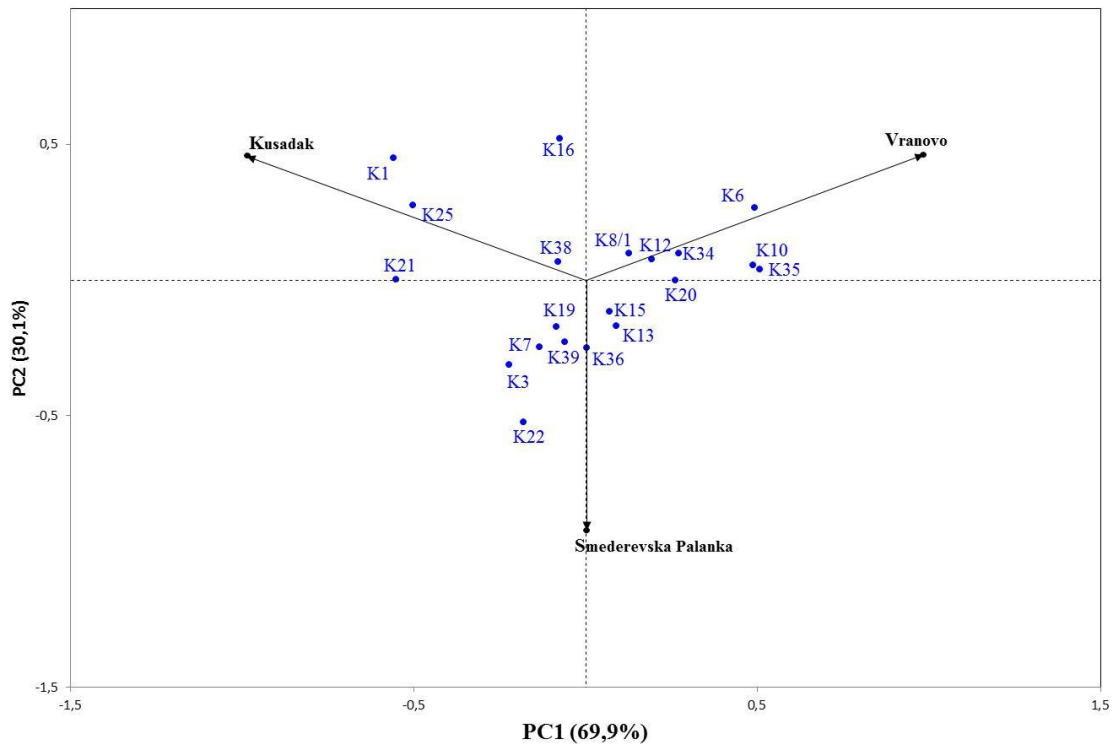
	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x} \pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x} \pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x} \pm Se$	Sd	Cv	
K1	1,09±0,04	0,07	5,98	2,66±0,03	0,05	1,72	1,42±0,06	0,10	7,03	1,72
K3	2,27±0,07	0,13	5,65	2,46±0,07	0,11	4,59	1,88±0,04	0,07	3,71	2,20
K6	1,26±0,06	0,11	8,40	1,55±0,04	0,07	4,42	2,38±0,05	0,09	3,94	1,73
K7	2,05±0,04	0,07	3,22	2,24±0,06	0,11	4,75	1,84±0,04	0,06	3,36	2,05
K8/1	1,74±0,02	0,04	2,08	2,15±0,04	0,08	3,55	2,27±0,04	0,06	2,69	2,05
K10	1,47±0,05	0,08	5,33	1,46±0,04	0,07	4,67	2,29±0,07	0,12	5,24	1,74
K12	1,50±0,02	0,04	2,52	1,81±0,02	0,03	1,77	2,06±0,07	0,12	5,88	1,79
K13	2,96±0,06	0,10	3,28	3,04±0,01	0,02	0,67	3,08±0,08	0,14	4,64	3,02
K15	1,25±0,02	0,03	2,61	1,42±0,05	0,09	6,18	1,42±0,03	0,05	3,73	1,36
K16	1,38±0,03	0,05	3,60	2,57±0,05	0,09	3,54	2,29±0,07	0,12	5,37	2,08
K19	2,22±0,05	0,09	3,84	2,47±0,05	0,08	3,39	2,17±0,03	0,05	2,26	2,29
K20	2,77±0,06	0,11	4,04	2,91±0,05	0,08	2,77	3,29±0,05	0,09	2,69	2,99
K21	3,22±0,03	0,04	1,37	4,17±0,05	0,09	2,09	2,95±0,03	0,05	1,55	3,44
K22	1,95±0,05	0,09	4,48	1,81±0,04	0,07	3,67	1,32±0,05	0,09	6,96	1,69
K25	3,18±0,05	0,09	2,69	4,45±0,04	0,08	1,73	3,33±0,03	0,06	1,72	3,65
K34	4,04±0,07	0,11	2,84	4,31±0,06	0,11	2,57	4,71±0,08	0,14	3,03	4,35
K35	1,55±0,03	0,06	3,90	1,50±0,06	0,11	7,21	2,36±0,07	0,12	5,20	1,80
K36	2,97±0,05	0,09	3,00	3,02±0,04	0,08	2,49	2,90±0,05	0,09	2,96	2,96
K38	1,87±0,04	0,07	3,93	2,45±0,03	0,06	2,38	2,15±0,06	0,10	4,59	2,16
K39	4,27±0,05	0,08	1,84	4,42±0,07	0,13	2,91	4,16±0,06	0,11	2,61	4,28
\bar{x}	2,25			2,64			2,51			2,47
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	lsd _{0,05}		0,08	lsd _{0,05}		0,03	lsd _{0,05}		0,14	
	lsd _{0,01}		0,11	lsd _{0,01}		0,04	lsd _{0,01}		0,19	

6.1.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za prinos po biljci po AMMI modelu

U tabeli 9 je prikazana analiza varijanse AMMI modela za prinos po biljci plavog patlidžana. Na osnovu rezultata može se zaključiti da postoje značajne razlike između lokaliteta, genotipova kao i njihovih interakcija. Od ukupne sume kvadrata 86,10% se odnosi na efekat genotipa, dok je suma kvadrata genotip \times lokalitet tri puta veća u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Ovo znači da je postojala značajna razlika između reakcije genotipova na različitim lokalitetima, što proizlazi iz velike sume kvadrata interakcija. Takođe, velika suma kvadrata genotipova ukazuje na veliku divergentnost između posmatranih genotipova za prinos po biljci. Girek i sar. (2013) su u svojim istraživanjima na dinji dokazali da su između genotipova, sredina i interakcije $G \times L$ postojale značajne razlike za prinos. Genotip ED-4 se pokazao kao idealan genotip za gajenje i u zaštićenom prostoru i na otvorenom polju. Rezultati u ovim istraživanjima takođe pokazuju da sume kvadrata prve i druge glavne komponente (PC1 i PC2) čine 100% sume kvadrata interakcije. Genotipovi sa minimalnom varijansom, koji su u različitim spoljnim sredinama smatraju se stabilnim (Sabaghniaa i sar., 2006).

Tabela 9. Analiza varijanse AMMI modela za prinos po biljci

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F vrednost
Genotip (G)	19	135,70	86,10	7,14	916,15**
PON	6	0,03	0,02	0,05	0,75 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	4,84	3,07	2,42	543,62**
$G \times L$	38	16,15	10,25	0,43	54,52**
PC1 (69,9%)	20	11,29	69,91	0,57	72,44**
PC2 (30,1%)	18	4,86	30,09	0,27	34,61**
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	0,89	0,56	0,01	
Ukupno	179	157,61	100,00		



Grafikon 12. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za prinos po biljci

Legenda: Lokaliteti: SmederevskaPalanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

Na grafikonu 12 prikazan prikazan je AMMI 2 model biplot (PC1 i PC2), odnosno grafički je prikazana interakcija genotip \times spoljna sredina ($G \times L$). Male vrednosti PC1 genotipova ukazuju da su oni stabilniji, odnosno da su pod manjim uticajem spoljne sredine (Marjanović i sar. 2011).

Najstabilniji lokalitet na osnovu koeficijenta AMMI stabilnosti (0,92) bila je Smederevska Palanka, dok je najmanje stabilan lokalitet Kusadak. ASV vrednost za lokalitet Kusadak je bila najveća (2,34) i po rangu je na trećem mestu (tabela 10). Na grafikonu 12 dužina vektora za lokalitet Smederevska Palanka je najkraća, dok je lokalitet Kusadak imao najduži vektor.

Genotipovi K7, K13, K15, K19, K39 su imali najstabilnije rezultate na lokalitetu Smederevska Palanka. Genotip K36 se nalazi na samom vektoru lokaliteta Smederevska Palanka te možemo da zaključimo da je njegovo gajenje pri uslovima ovog lokaliteta dalo najstabilnije rezultate u pogledu prinosa ploda po biljci. Na osnovu tabele 4 možemo da zaključimo da je lokalitet Smederevska Palanka imao najveću količinu padavina u avgustu i septembru, gde su spoljni uticaji ovog lokaliteta uticali na dobijanje stabilnih rezultata za prinos po biljci.

Ovo je u skladu sa rezultatima u tabeli 10, gde su prikazane vrednosti koeficijenta AMMI stabilnosti za navedene genotipove. Pored genotipa K36, uslovi sredine u ovom lokalitetu pogodovali su, od svih do sada navedenih, najmanje stabilnom genotip (K22), (rang 14, tabela 11). Na lokalitetu Kusadak je najstabilnije rezultate imao genotip (K38), kod kojeg je ASV vrednost bila 0,20. Na osnovu grafikona 12, ali i na osnovu vrednosti ASV prikazanih u tabeli 11, može se zaključiti da je najmanja interakcija na lokalitetu Vranovo kod genotipova K8/1, K12 i K20. Najmanje stabilan genotip, sa najvećim koeficijentom AMMI stabilnosti (1,38) je bio K1, gde su mu uslovi sredine lokaliteta Kusadak najviše odgovarali.

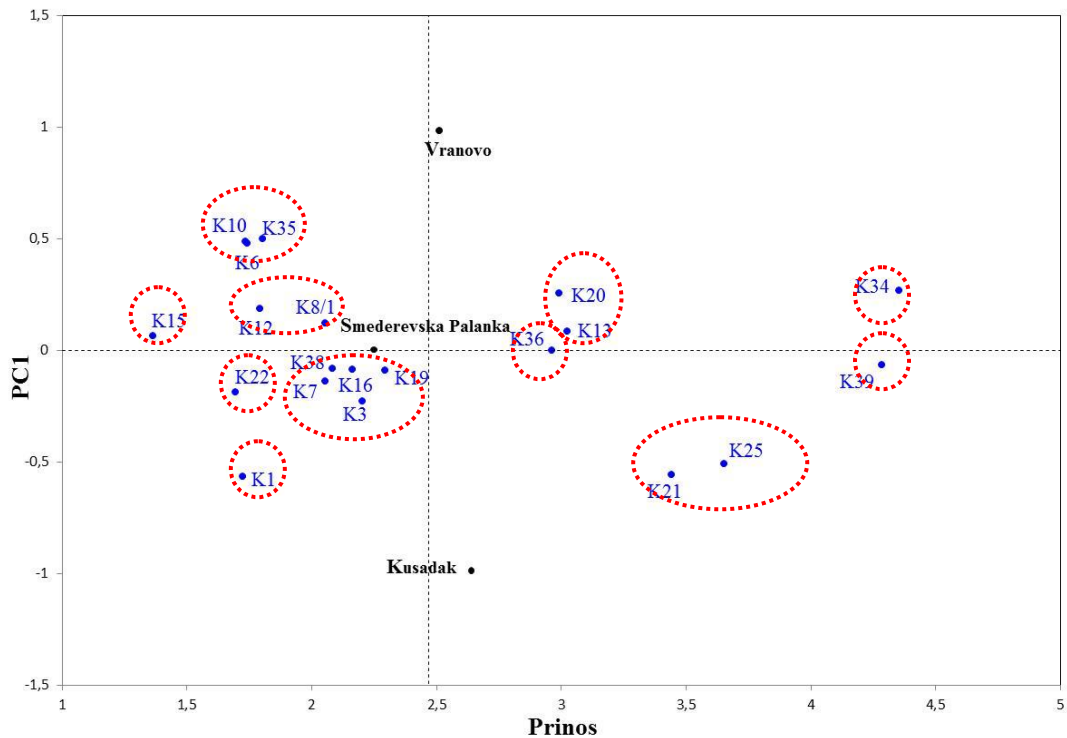
Tabela 10. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu prinos po biljci

Redni broj	Lokalitet	Prinos		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	2,64	1	-0,9863	0,4586	2,34	3
2	Smederevska Palanka	2,25	3	0,0028	-0,9210	0,92	1
3	Vranovo	2,51	2	0,9836	0,4624	2,33	2

Tabela 11. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu prinos po biljci

Redni Broj	Genotip	Prinos		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	1,72	18	-0,5623	0,4519	1,38	20
2	K3	2,20	9	-0,2246	-0,3082	0,61	12
3	K6	1,73	17	0,4899	0,2707	1,17	16
4	K7	2,05	13	-0,1362	-0,2434	0,40	8
5	K8/1	2,05	12	0,1242	0,1018	0,31	7
6	K10	1,74	16	0,4844	0,0594	1,13	15
7	K12	1,79	15	0,1906	0,0812	0,45	9
8	K13	3,02	5	0,0877	-0,1667	0,26	5
9	K15	1,36	20	0,0676	-0,1142	0,19	1
10	K16	2,08	11	-0,0778	0,5252	0,56	10
11	K19	2,29	8	-0,0873	-0,1675	0,26	4
12	K20	2,99	6	0,2598	0,0028	0,60	11
13	K21	3,44	4	-0,5553	0,0046	1,29	19
14	K22	1,69	19	-0,1839	-0,5195	0,67	14
15	K25	3,65	3	-0,5056	0,2775	1,21	18
16	K34	4,35	1	0,2694	0,1020	0,63	13
17	K35	1,80	14	0,5041	0,0433	1,17	17
18	K36	2,96	7	0,0019	-0,2471	0,25	3
19	K38	2,16	10	-0,0828	0,0703	0,20	2
20	K39	4,28	2	-0,0640	-0,2240	0,27	6

Na grafikonu 13 je prikazan AMMI model 1 biplot (odnos prve glavne komponente i prosečne vrednosti osobine). Genotipovi su grupisani u nekoliko grupa u odnosu na vrednosti prve glavne komponente i prosečne vrednosti prinosa. Iznad prosečne vrednosti prinosa zabeležene su kod lokaliteta Vranovo i Kusadak. Prvi lokalitet (Vranovo) je imao pozitivnu vrednost prve glavne komponente, a drugi (Kusadak) negativnu vrednost PC1. Genotipovi i lokaliteti sa vrednostima PC1 istog znaka pozitivno interreaguju, pa tako ovi genotipovi postižu veću vrednost posmatrane osobine na toj lokaciji dok kombinacija PC1 vrednosti suprotnih znakova označava negativnu interakciju tih genotipova i lokaliteta (Chaudhary i Wu, 2012). Lokalitet Smederevska Palanka imao je vrednost PC1 (0,0028), što takođe dokazuje da se radi o vrlo stabilnom lokalitetu. Genotipovi K13, K20, K36 sa prinosom iznad opšteg proseka, imali su malu vrednost PC1, što znači da su bili pod manjim uticajem lokaliteta, tj. da su imali dobru stabilnost prinosa u svim lokalitetima. Genotip K34 se izdvojio u gornjem desnom kvadrantu (pozitivna PC1, vrednost iznad opšteg proseka), kao najprinosniji genotip. Genotipovi K3, K7, K16, K19 i K38 imaju ispod prosečne vrednosti za prinos i nalaze se u donjem levom kvadrantu (negativna vrednost PC1), ali su se pokazali kao stabilni. Na osnovu ovih rezultata možemo da zaključimo da je značajan uticaj spoljnih faktora na prinos plavog patlidžana po biljci. Pozit. Ukoliko genotipovi i lokaliteti imaju različit predznak PC1, tada postoji negativna interakcija (Crossa i sar. 1990). Najača interakcija vidljiva je kod genotipova K1 (ispod prosečna vrednost), K21, K25 (vrednost iznad proseka), što se može zaključiti da su bili jako nestabilni, posmatrana u sva tri lokaliteta. Suma kvadrata za interakciju genotip \times spoljna sredina bila je 4,27 puta veća od zbira kvadrata za sredinu, što ukazuje na značajan uticaj spoljne sredine na ispitivane genotipove (Srividhya i Ponnuswami, 2011).



Grafikon 13. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu prinos po biljci

Legenda: Lokaliteti: SmederevskaPalanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

6.2. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za težinu ploda

Težina ploda jedna od važnijih osobina plavog patlidžana jer predstavlja jednu od komponenata prinosa. Mnogi autori su dolazili do rezultata u svojim istraživanjima analizirajući ovu osobinu sa različitih aspekata. Analizom varijanse je utvrđeno aditivno i neaditivno delovanje gena za ispoljavanje ove osobine, sa većim učešćem aditivnog delovanja (Salehuzzamen i Alam, 1983; Verma, 1986). Uticaj aditivnih i dominantnih

gena imaju glavnu ulogu u nasleđivanju težine ploda plavog patlidžana, sa većim uticajem aditivne komponente (Damnjanović i sar., 2002).

Na osnovu rezultata dvofaktorijalne ANOVA-e može se zaključiti da postoje visoko značajne razlike između analiziranih genotipova plavog patlidžana na različitim lokalitetima za težinu ploda. Interakcija genotip \times lokalitet je takođe značajna (tabela 12).

Tabela 12. ANOVA za težinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljjanje	2	698,69	349,35	2,82 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	1.794.808,19	94.463,59	762,96 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	144.878,66	72.439,33	585,07 ^{**}	3,07	4,80
G \times L	38	323.502,79	8.513,23	68,76 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	14.609,86	123,81			
Ukupno	179	2.278.498,19				

U tabeli 13 prikazane su srednje vrednosti, varijabilnost za težinu ploda za 20 genotipova na tri lokaliteta. Analizirajući rezultate, značajno veću težinu ploda od opšteg proseka imali su genotipovi K3 (471,87 g), K8/1 (443,87 g), K19 (617,67 g), K34 (564,0 g), K36 (601,23 g), K39 (588,72 g). Prosečna težina ploda sagledavajući rezultate genotipova i lokaliteta bila je 412,54 g. Ovi rezultati su u skladu sa predhodnim ispitivanjima plavog patlidžana (Damnjanović, 1999), gde se prosečna težina ploda kretala u rasponu od 109,57 g pa do 431,17 g. Na lokalitetu Vranovo genotip K19 (631,0 g) postigao je najveću prosečnu težinu uzimajući u obzir sve genotipove i lokalitete. Takođe, genotipovi sa značajno ($p < 0,01$) najmanjom težinom na ovom lokalitetu su bili K1 i K22.

Na osnovu lsd testa razlike između genotipova na lokalitetu Smederevska Palanka su visoko značajne. Visoko značajnu ($p < 0,01$) težinu ploda posedovao je genotip K39 (609,0 g), a značajno najmanju težinu genotip K1 (197,33 g). Koeficijent varijacije je bio u intervalu od 0,25% do 8,32%. Na lokalitetu Kusadak postignuta je značajno najveća prosečna težina ploda (449,72 g). Čak sedam genotipova je imalo težinu veću od opšteg proseka.

Tabela 13. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za težinu ploda na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	
K1	197,33±4,80	8,31	4,21	388,57±12,34	21,38	5,50	265,50±1,53	2,65	1,00	283,80
K3	406,77±7,42	12,85	3,16	637,97±8,81	15,25	2,39	370,87±6,53	11,31	3,05	471,87
K6	294,63±7,27	12,60	4,28	377,60±6,90	11,95	3,17	420,63±3,83	6,64	1,58	364,29
K7	317,83±5,34	9,25	2,91	394,37±2,99	5,17	1,31	310,82±0,79	1,36	0,44	341,01
K8/1	426,97±5,56	9,64	2,26	533,17±8,49	14,70	2,76	369,77±11,29	19,55	5,29	443,30
K10	295,40±14,18	24,56	8,32	362,97±3,52	6,10	1,68	409,10±5,36	9,28	2,27	355,82
K12	399,53±3,15	5,46	1,37	417,87±11,08	19,19	4,59	388,73±8,03	13,91	3,58	402,04
K13	314,27±8,13	14,07	4,48	329,90±3,92	6,78	2,06	295,93±4,59	7,95	2,69	313,37
K15	339,40±7,23	12,53	3,69	342,50±10,37	17,96	5,24	374,80±4,30	7,45	1,99	352,23
K16	270,17±7,52	13,03	4,82	427,23±7,53	13,04	3,05	442,00±3,23	5,60	1,27	379,80
K19	601,17±0,88	1,53	0,25	620,20±5,47	9,47	1,53	631,63±3,71	6,42	1,02	617,67
K20	272,63±9,63	16,67	6,12	291,70±0,44	0,75	0,26	366,83±1,92	3,33	0,91	310,39
K21	379,40±5,47	9,47	2,50	484,13±3,83	6,63	1,37	360,91±4,35	7,53	2,09	408,15
K22	392,23±6,09	10,55	2,69	410,30±8,83	15,30	3,73	265,30±5,09	8,82	3,33	355,94
K25	358,57±8,79	15,22	4,24	393,47±3,80	6,58	1,67	374,07±7,53	13,05	3,49	375,37
K34	501,17±2,91	5,03	1,00	597,37±4,68	8,10	1,36	593,47±1,07	1,85	0,31	564,00
K35	301,70±4,40	7,62	2,52	329,27±4,02	6,96	2,11	383,40±2,66	4,60	1,20	338,12
K36	583,73±9,74	16,87	2,89	624,10±7,47	12,93	2,07	595,87±6,82	11,82	1,98	601,23
K38	355,73±7,03	12,18	3,42	431,40±7,68	13,30	3,08	364,20±6,85	11,86	3,26	383,78
K39	609,00±4,91	8,50	1,40	600,27±3,69	6,39	1,06	556,90±3,56	6,16	1,11	588,72
\bar{x}	380,88			449,72			407,04			412,54
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	$lsd_{0,05}$ 10,39			$lsd_{0,05}$ 4,02			$lsd_{0,05}$ 17,99			
	$lsd_{0,01}$ 13,73			$lsd_{0,01}$ 5,32			$lsd_{0,01}$ 23,79			

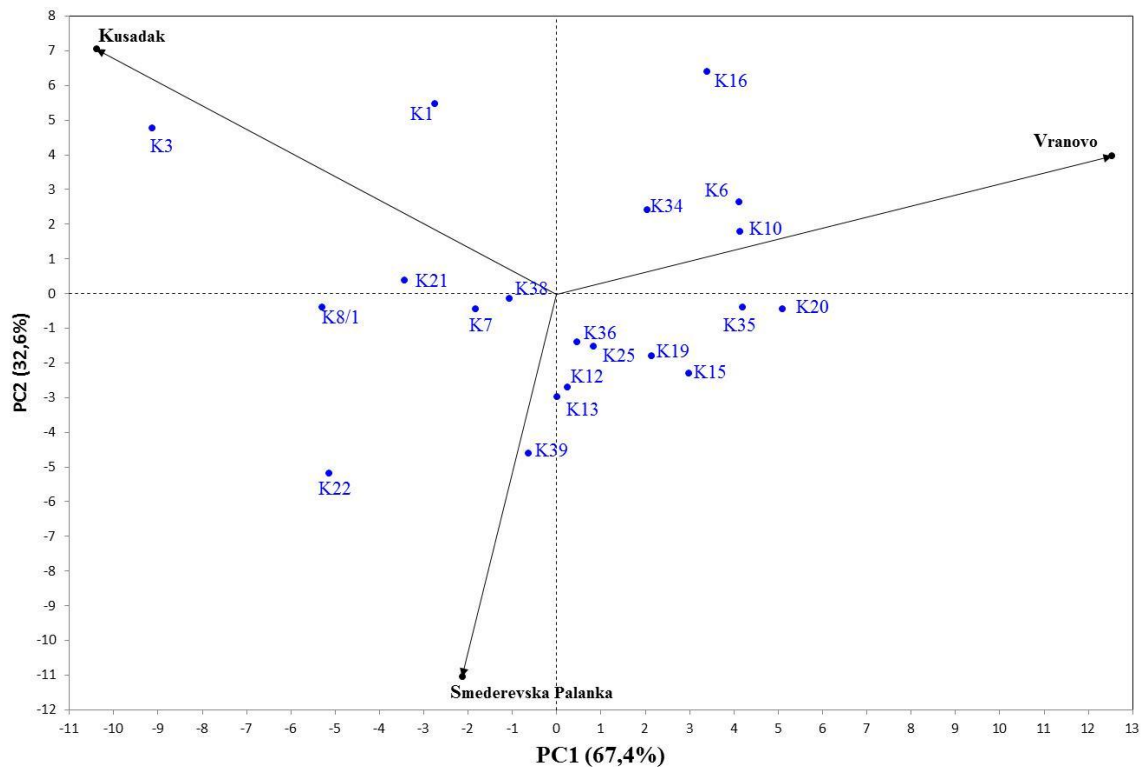
6.2.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za težinu ploda po AMMI modelu

U tabeli 14 prikazana je analiza varijanse AMMI modela kod osobine težina ploda. Rezultati pokazuju da postoje značajne razlike između genotipova, lokaliteta kao i njihovih interakcija za proučavanu osobinu. Od ukupne sume kvadrata, 78,77% se odnosilo na efekat genotipa. Velika suma kvadrata genotipova označava izražen diverzitet između posmatranih genotipova kad je u pitanju osobina težina ploda.

Vrednost sume kvadrata genotip \times lokalitet ($G \times L$) veća je dva puta u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Ovo upućuje na to, da na osnovu velike sume kvadrata interakcije dolazimo do zaključka da su postojale značajne razlike između reakcija genotipova u različitim spoljašnjim sredinama. Vrednost prve glavne komponente (PC1) je 67,4%, a vrednost druge glavne komponente (PC2) je 32,6%, od ukupne sume kvadrata i zajedno čine 100% sume kvadrata interakcije. Mattjik i sar. (2011) navode da je stepen uticaja $G \times L$ interakcije značajno zavisi od genotipa i složenosti uticaja spoljašnje sredine.

Tabela 14. Analiza varijanse AMMI modela za težinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F Vrednost
Genotip (G)	19	1.794.808,00	78,77	94.464,00	746,56**
PON	6	884,00	0,04	147,00	1,16 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	144.879,00	6,36	72.439,00	491,71**
$G \times L$	38	323.503,00	14,20	8.513,00	67,28**
PC1 (67,4%)	20	218.075,80	67,41	10.903,79	86,17**
PC2 (32,6%)	18	105.427,00	32,59	5.857,06	46,29**
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	14.425,00	0,63	127,00	
Ukupno	179	2.278.499,00	100,00		



Grafikon 14. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu težina ploda

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39

Na osnovu rezultata prikazanih na grafikonu 14, kao i ASV vrednosti (tabela 15) možemo se videti da je postojala manja interakcija genotipova i spoljašnje sredine na lokalitetu Smederevska Palanka, nego na druga dva lokaliteta. Srividhya i Ponnuswami (2011) smatraju da AMMI model sa PC1 rezultatima skoro 0, i gde se vrednost genotipova karakteriše većim vrednostima od proseka, predstavljaju adaptabilne genotipove za sve spoljne uslove.

U tabeli 15 prikazane su vrednosti koeficijenta AMMI stabilnosti za težinu ploda. Najstabilniji lokalitet bio je Smederevska Palanka sa vrednostima AMMI

koeficijenta 11,89. Kusadak je po adaptabilnosti bio na drugom mestu, dok je najmanje stabilan lokalitet za ovu osobinu bilo Vranovo, gde je vrednost ASV iznosila 26,22.

Najmanje stabilan genotip prema ASV vrednostima za težinu ploda bio je genotip K3 (19,51). Njemu su odgovarali uslovi spoljašnje sredine koji su svojstveni za lokalitet Kusadak gde su njegovi rezultati bili najstabilniji za posmatranu osobinu. Genotip K22 (11,85) je takođe bio nestabilan, što je u skladu sa tabelom 16, gde je po rangju bio na 19. mestu. Međutim, njemu su pogodovali uslovi lokaliteta Smederevska Palanka. Osim njega uslovi na ovom lokalitetu su odgovarali i genotipovima: K19, K13, K12, K36, K25, koji su imali najstabilnije vrednosti. Stabilnost osobine težina ploda za navedene genotipove može se objasniti ravnomernom količinom padavina i dobrim prosečnim temperaturama koje su pogodovale genotipovima sa najmanjim variranjem. Najveću adaptabilnost na lokalitetu Vranovo zabeleženi su kod genotipova K6, K10, K34, K35 za posmatranu osobinu.

Iz tabele 16 uočava se da je najstabilniji genotip K36 sa najmanjim koeficijentom AMMI stabilnosti (1,65) odnosno kod ovog genotipa je zabeležen najniži nivo interakcije genotipa i spoljne sredine.

Table 15. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu težina ploda

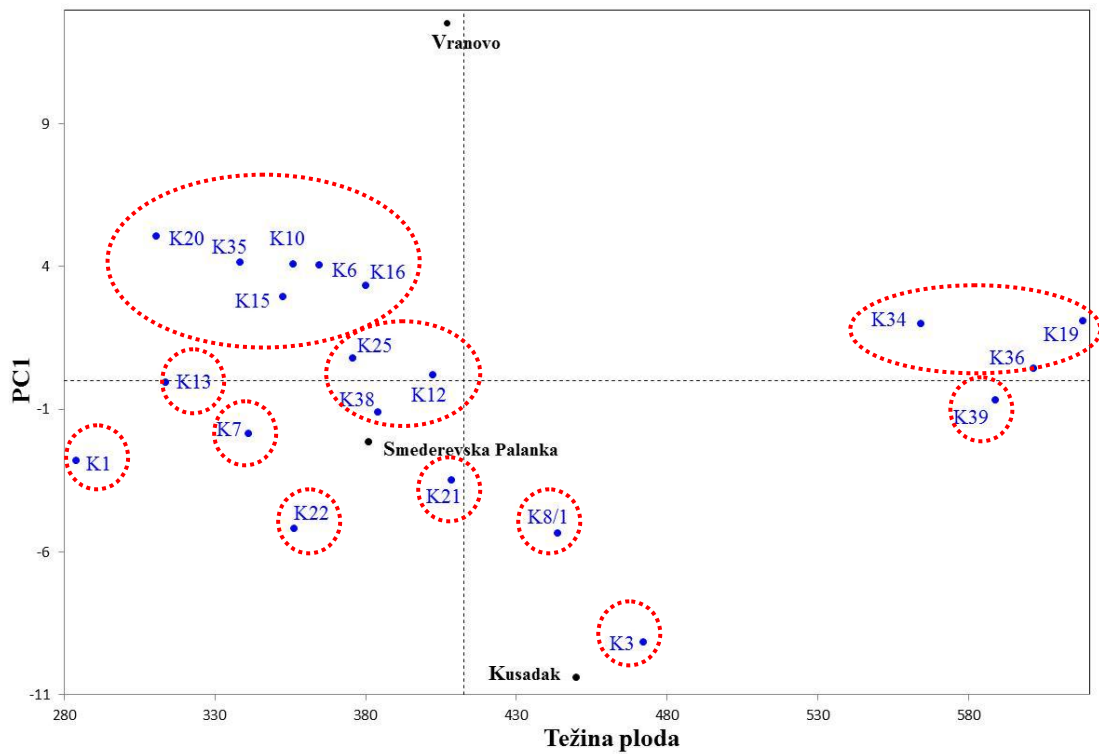
Redni broj	Genotip	Težina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	449,72	1	-10,3952	7,0598	22,63	2
2	Smederevska Palanka	380,88	3	-2,1347	-11,0366	11,89	1
3	Vranovo	407,04	2	12,5299	3,9768	26,22	3

Tabela 16. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu težina ploda

Redni broj	Genotip	Težina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	283,80	20	-2,7667	5,5007	7,94	12
2	K3	471,87	5	-9,1440	4,7983	19,51	20
3	K6	364,29	12	4,0953	2,6503	8,88	15
4	K7	341,01	16	-1,8384	-0,4138	3,83	6
5	K8/1	443,30	6	-5,3144	-0,3611	11,00	18
6	K10	355,82	14	4,1174	1,8094	8,71	14
7	K12	402,04	8	0,2297	-2,6858	2,73	4
8	K13	313,37	18	-0,0163	-2,9473	2,95	5
9	K15	352,23	15	2,9641	-2,2795	6,54	10
10	K16	379,80	10	3,3683	6,4132	9,47	16
11	K19	617,67	1	2,1205	-1,7841	4,74	7
12	K20	310,39	19	5,0811	-0,4308	10,52	17
13	K21	408,15	7	-3,4588	0,4049	7,17	11
14	K22	355,94	13	-5,1571	-5,1595	11,85	19
15	K25	375,37	11	0,8132	-1,5040	2,26	3
16	K34	564,00	4	2,0189	2,4337	4,83	9
17	K35	338,12	17	4,1725	-0,3758	8,64	13
18	K36	601,23	2	0,4460	-1,3696	1,65	1
19	K38	383,78	9	-1,0854	-0,1179	2,25	2
20	K39	588,72	3	-0,6461	-4,5813	4,77	8

Odnos prosečne vrednosti svojstva i prve glavne komponente, kao i grupisanje genotipova i spoljnjih sredina prikazano je na AMMI 1 biplotu (grafikon 15). Genotipovi su grupisani u nekoliko grupa u odnosu na vrednosti prve glavne komponente i prosečne vrednosti težine ploda. Kod lokaliteta Vranovo uočena je pozitivna vrednost prve glavne komponente (PC1), ali sa vrednostima težine ploda koje su ispod proseka, dok je negativna vrednost prve glavne komponente i ispod prosečna vrednost težine ploda registrovana na lokalitetu Smederevska Palanka. Za treći lokalitet (Kusadak) je karakteristično da su vrednosti za težinu ploda bile više od prosečne srednje vrednosti, ali se ovaj lokalitet odlikovao i negativnim vrednostima prve glavne komponente.

Genotipovi K34, K36, K19 se odlikuju najvećom težinom i izdvojili su se u gornjem desnom kvadrantu (pozitivna PC1 i iznad prosečna vrednost). Takođe, pokazali su se jako stabilnim na sva tri lokaliteta. K39 je genotip koji je takođe imao najveću težinu, a jako se odlikuje negativnom vrednošću prve glavne komponente, ova vrednost je jako mala (-0,6461) te možemo zaključiti da se i ovaj genotip odlikuje izraženom adaptabilnošću u uslovima posmatrana tri lokalitet. Na grafikonu 15 izdvojili su se genotipovi (K6, K10, K15, K16, K20, K25, K35) koji su imali ispod prosečne vrednosti za težinu ploda sa pozitivnom PC1. Jedan od najstabilnijih genotipova (K38) je imao srednju vrednost manju od opšteg proseka, a izdvojio se u donjem levom kvadrantu gde se takođe i nalazi lokalitet Smederevska Palanka. Genotipu K3, koji je imao iznad prosečne vrednosti za težinu ploda sa negativnom PC1, su odgovarali uslovi lokaliteta Kusadak.



Grafikon 15. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu težina ploda

Legenda: Lokaliteti: SmederevskaPalanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

6.3. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za broj plodova po biljci

Broj plodova po biljci predstavlja važan pokazatelj rodosti plavog patlidžana i jedan je od faktora koji direktno utiče na prinos. Ovu osobinu proučavali su mnogi istraživači (Gophinat i Madalageri, 1986; Nualsri i sar., 1986). Damnjanović i sar. (2002) ukazuju da analiza komponenta genetičke varijanse potvrđuje da efekti aditivnih gena utiču na nasleđivanje osobine broj plodova po biljci.

U cilju utvrđivanja statističke značajnosti uticaja faktora: genotipa, lokaliteta i njihovih interakcija na broj plodova po biljci korišćena je dvofaktorijalna analiza varijanse (ANOVA). Utvrđena je statistička značajnost ($p < 0,01$), svih faktora kao i njihovih interakcija na broj plodova po biljci (tabela 17).

Tabela 17. ANOVA za broj plodova po biljci

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljanje	2	0,20	0,10	0,83 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	648,06	34,11	286,19 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	3,45	1,72	14,47 ^{**}	3,07	4,80
G × L	38	46,56	1,23	10,28 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	14,06	0,12			
Ukupno	179	712,33				

Prosečan broj plodova po biljci, za 20 genotipova plavog patlidžana postavljenim u ogledima u tri lokaliteta iznosio je 6,06 (tabela 18).

Značajno najveći broj plodova po biljci pokazali su genotipovi K13 (9,5), K20 (9,73), K21 (8,42), K25 (9,68), K34 (7,63), K39 (7,21) u odnosu na opšti prosek. Prosečan broj plodova za svaki lokalitet nije se značajno razlikovao od srednje vrednosti za opšti prosek posmatrane osobine. U proseku za sva tri lokaliteta genotip K25 je postigao najveći broj plodova po biljci (11,07). Na lokalitetu Smederevska Palanka genotip K19 se značajno ($p < 0,01$) razlikovao i imao najmanji broj plodova (3,53). Genotip K16 dao je broj plodova po biljci na nivou opšteg proseka za lokalitet Kusadak (6,00). Na ovom lokalitetu značajno veći broj plodova imali su genotipovi K1, K13, K20, K21, K25, K34, K39. Najveća prosečna vrednost posmatrane osobine na lokalitetu Vranovo zabeležena je na genotipu K13 (10,4) sa koeficijentom varijacije 4,41%, a najmanja kod genotipa K19 (3,43) sa koeficijentom varijacije 3,36% (tabela 18). Slične rezultate navodi Damnjanović (1999), gde se koeficijent varijacije kretao u intervalu od 4,26% do 13,65% za ispitivane genotipove.

Tabela 18. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za broj plodova po biljci na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

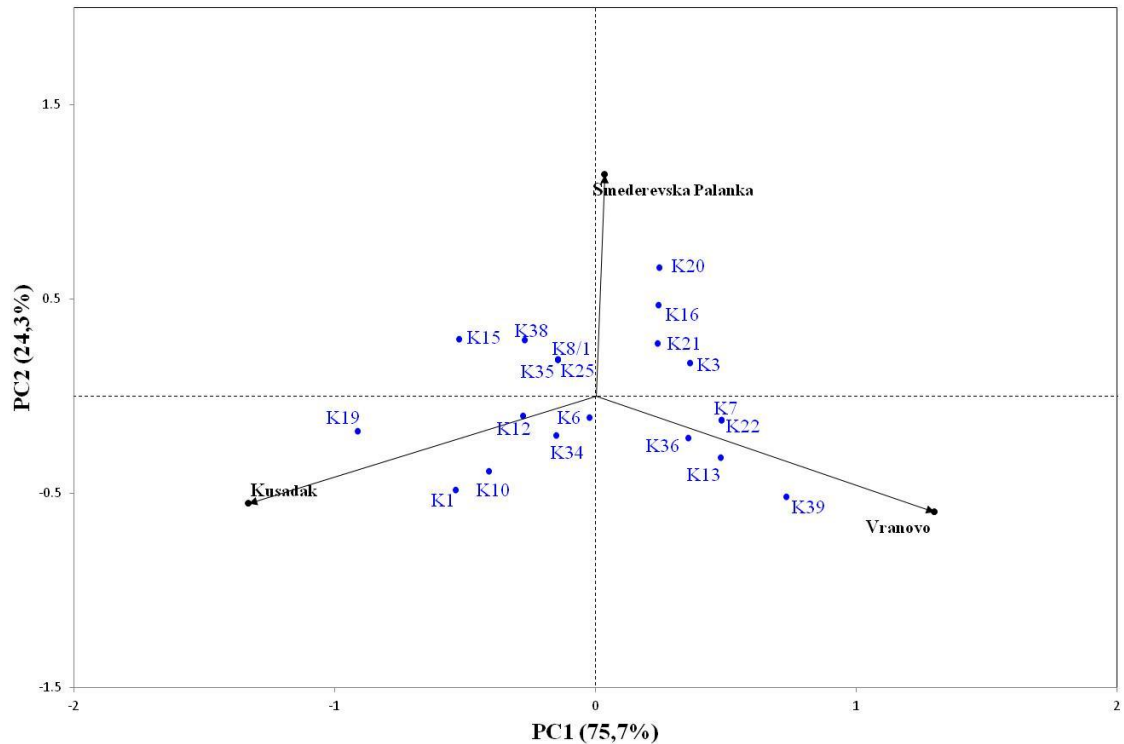
Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	
K1	5,50±0,32	0,56	10,12	6,70±0,06	0,10	1,49	5,67±0,09	0,15	2,70	5,96
K3	5,57±0,22	0,38	6,80	4,03±0,15	0,25	6,24	5,07±0,03	0,06	1,14	4,89
K6	4,30±0,21	0,36	8,39	4,23±0,20	0,35	8,30	5,61±0,14	0,25	4,38	4,71
K7	6,47±0,23	0,40	6,25	6,03±0,29	0,50	8,34	5,93±0,13	0,23	3,89	6,14
K8/1	4,07±0,07	0,12	2,84	4,03±0,12	0,21	5,16	6,13±0,26	0,45	7,35	4,74
K10	4,83±0,18	0,31	6,32	4,43±0,41	0,71	16,00	5,83±0,22	0,38	6,49	5,03
K12	3,77±0,03	0,06	1,53	4,20±0,32	0,56	13,26	4,93±0,33	0,57	11,53	4,30
K13	9,20±0,06	0,10	1,09	8,90±0,40	0,70	7,87	10,40±0,26	0,46	4,41	9,50
K15	3,70±0,12	0,20	5,41	4,07±0,34	0,59	14,41	3,80±0,06	0,10	2,63	3,86
K16	4,63±0,32	0,55	11,89	6,00±0,06	0,10	1,67	5,20±0,17	0,30	5,77	5,28
K19	3,53±0,13	0,23	6,54	4,00±0,06	0,10	2,50	3,43±0,07	0,12	3,36	3,66
K20	10,27±0,03	0,06	0,56	9,97±0,18	0,31	3,07	8,97±0,09	0,15	1,70	9,73
K21	8,47±0,15	0,25	2,97	8,60±0,06	0,10	1,16	8,20±0,06	0,10	1,22	8,42
K22	4,97±0,12	0,21	4,19	4,40±0,00	0,00	0,00	4,93±0,15	0,25	5,10	4,77
K25	9,07±0,29	0,50	5,55	11,07±0,45	0,78	7,02	8,90±0,10	0,17	1,95	9,68
K34	7,83±0,23	0,40	5,16	7,13±0,09	0,15	2,14	7,93±0,15	0,25	3,17	7,63
K35	5,13±0,09	0,15	2,98	4,57±0,15	0,25	5,51	6,17±0,18	0,31	4,95	5,29
K36	5,03±0,07	0,12	2,29	4,73±0,12	0,21	4,40	4,87±0,03	0,06	1,19	4,88
K38	5,20±0,10	0,17	3,33	5,67±0,18	0,31	5,39	5,93±0,27	0,47	7,96	5,60
K39	7,27±0,27	0,46	6,36	7,13±0,23	0,40	5,67	7,23±0,23	0,40	5,59	7,21
\bar{x}	5,94			6,00			6,24			6,06
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	lsd _{0,05}		0,32	lsd _{0,05}		0,12	lsd _{0,05}		0,56	
	lsd _{0,01}		0,43	lsd _{0,01}		0,17	lsd _{0,01}		0,74	

6.3.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za broj plodova po biljci po AMMI modelu

Analiza varijanse AMMI modela (tabela 19) pokazuje značajne razlike između genotipova, lokaliteta kao i njihovih interakcija (genotip × spoljna sredina) kod osobine broj plodova po biljci. Čak 85,28% ukupne sume kvadrata se odnosilo na efekat genotipa. S druge strane, vrednost sume kvadrata G × L veća je pet puta u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Ovo upućuje na zaključak da su postojale značajne razlike između reakcija genotipova u odnosu na različite uslove spoljašnje sredine. Velika vrednost sume kvadrata genotipova ukazuje na veliku divergentnost genotipova i velike razlike između njihovih srednjih vrednosti. Rezultati takođe pokazuju da sume kvadrata prve i druge glavne komponente (PC1 i PC2) čine 100% sume kvadrata interakcije. Postoje signifikantne razlike ($p < 0,01$) između genotipova, sezone, lokaliteta i njihove interakcije (Nakintadwe i sar., 2005).

Tabela 19. Analiza varijanse AMMI modela za broj plodova po biljci

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F Vrednost
Genotip (G)	19	704,51	85,28	37,08	66,74 ^{**}
PON	6	2,00	0,24	0,33	0,60 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	8,81	1,07	4,41	13,22 ^{**}
G × L	38	47,41	5,74	1,25	2,25 ^{**}
PC1 (75,7%)	20	35,88	75,68	1,79	3,23 ^{**}
PC2 (24,3%)	18	11,53	24,32	0,64	1,15 ^{nz}
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	63,33	7,67	0,56	
Ukupno	179	826,06	100,00		



Grafikon 16. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu broj plodova po biljci

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

Na grafikonu 16 prikazan je odnos prve i druge glavne komponente, odnosno grafički je prikazana interakcija genotip x spoljna sredina. U AMMI biplotu, odnos PC1 i PC2, Hassanpanah i sar. (2010), navode da sorte nisu grupisane u centru biplota.

Na osnovu ASV vrednosti, najstabilniji lokalitet, kad se posmatra broj plodova po biljci bila je Smederevska Palanka (1,15). Najmanje stabilan je Kusadak, čiji je koeficijent AMMI stabilnosti iznosio 4,18 i koji je rangiran na trećem mestu. Ovi podaci su prikazani je u skladu sa podacima u tabeli 20.

Najstabilniji genotipovi na lokalitetu Smederevska Palanka bili su K8/1, K25 i K35. Njima su pogodovali uslovi ove spoljne sredine. Sva tri genotipa su imala vrednost koeficijenta AMMI stabilnosti 0,50 i bila su rangirana 2, 3 i 4 mestu (tabela 21). Najstabilnije rezultate za broj plodova po biljci na lokalitetu Vranovo imali su sledeći genotipovi: K7, K13, K22, K36 i K39. I na trećem lokalitetu (Kusadak), genotipovi sa najvećom adaptabilnošću bili su K6, K10, K12, K34. Genotip K6 je ujedno i najstabilniji genotip sa ASV vrednostima 0,14 i rangom 1.

Table 20. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu broj plodova po biljci

Redni broj	Lokalitet	Broj plodova		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	6,03	2	-1,3314	-0,5496	4,18	3
2	Smederevska Palanka	5,92	3	0,0336	1,1430	1,15	1
3	Vranovo	6,43	1	1,2978	-0,5934	4,08	2

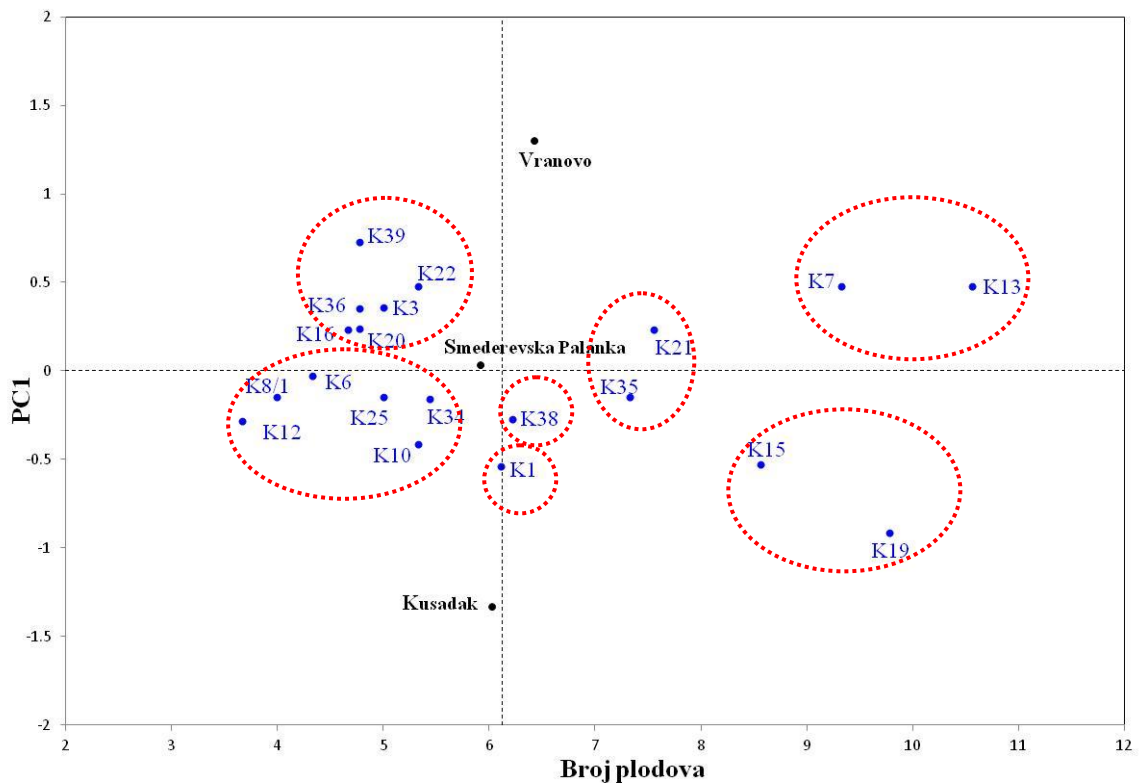
Tabela 21. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu broj plodova po biljci

Redni broj	Genotip	Broj plodova		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	6,11	8	-0,5405	-0,4799	1,75	18
2	K3	5,00	12	0,3579	0,1742	1,13	12
3	K6	4,33	18	-0,0271	-0,1061	0,14	1
4	K7	9,33	3	0,4797	-0,1210	1,50	14
5	K8/1	4,00	19	-0,1490	0,1891	0,50	2
6	K10	5,33	10	-0,4121	-0,3864	1,34	13
7	K12	3,67	20	-0,2806	-0,0987	0,88	8
8	K13	10,56	1	0,4765	-0,3154	1,52	16
9	K15	8,56	4	-0,5275	0,2974	1,67	17
10	K16	4,67	17	0,2360	0,4694	0,87	7
11	K19	9,78	2	-0,9158	-0,1772	2,86	20
12	K20	4,78	14	0,2393	0,6637	1,00	10
13	K21	7,56	5	0,2328	0,2751	0,77	6
14	K22	5,33	11	0,4797	-0,1210	1,50	15
15	K25	5,00	13	-0,1490	0,1891	0,50	3
16	K34	5,44	9	-0,1555	-0,1996	0,52	5
17	K35	7,33	6	-0,1490	0,1891	0,50	4
18	K36	4,78	15	0,3514	-0,2145	1,11	11
19	K38	6,22	7	-0,2741	0,2900	0,90	9
20	K39	4,78	16	0,7267	-0,5171	2,32	19

Odnos prosečne vrednosti svojstva i prve glavne komponente, kao i grupisanje genotipova i lokaliteta prikazano je na AMMI 1 biplotu (grafikon 17).

Genotipovi su grupisani u nekoliko grupa u odnosu na vrednosti prve glavne komponente i prosečne vrednosti broja plodova po biljci. Pozitivna vrednost prve glavne komponente i vrednosti iznad proseka za navedenu osobinu odlikovala je lokalitet Vranovo, dok je ispod prosečna vrednost zabeležena kod preostala dva lokaliteta (Smederevska Palanka i Kusadak) s tim da je Smederevska Palanka imala pozitivnu vrednost PC1 a Kusadak negativnu vrednost. Kao i na grafikonu 16, i na grafikonu 17 izdvojili su se genotipovi K6, K8/1, K10, K12, K25, K34 sa većom stabilnošću, ali koji su imali ispod prosečne vrednosti za broj plodova po biljci (negativna PC1 vrednost). Genotipovi K7, K13, K15, i K19 imaju najveći broj plodova po biljci, dok se K7 i K13 nalaze u gornjem desnom kvadrantu, K15 i K19 imaju negativnu vrednost PC1 i pokazali su se kao vrlo nestabilni za sve tri različite spoljne sredine.

Takođe, genotipovi sa velikom adaptabilnošću su bili K21 (pozitivna PC1) i K35 (negativna PC1) koji su imali iznad prosečne vrednosti za ispitivanu osobinu. U gornjem levom kvadrantu izdvojili su se genotipovi K3, K16, K20, K22, K36 i K39 gde se izdvojio lokalitet Smederevska Palanka, te dolazimo do zaključka da su pozitivno reagovali na ovom lokalitetu. Na osnovu AMMI analize urađena je provera stabilnih sorti krompira (*Solanum tuberosum* L.), i utvrđena je značajna razlika između lokacije, sorte, godine, irigacije i njihovih interakcija za osobinu prinos krtola (Hassanpanah, 2010).



Grafikon 17. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu broj plodova po biljci

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39

6.4. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za dužinu ploda

Dvofaktorijalnom analizom ANOVA-e utvrđena je statistička značajnost efekata genotipa i lokaliteta za dužinu ploda. Interakcija genotip x spoljna sredina (G × L) je takođe značajna (tabela 22).

Tabela 22. ANOVA za dužinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljanje	2	1,94	0,97	0,28 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	110.455,81	5.813,46	1.705,77 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	2.500,86	1.250,43	366,90 ^{**}	3,07	4,80
G × L	38	26.929,71	708,68	207,94 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	402,16	3,41			
Ukupno	179	140.290,48				

Srednje vrednosti i varijabilnost dužine ploda prikazane su u tabeli 23 za sva tri različita lokaliteta. Dužina plodova na nivou opšteg proseka kod 20 genotipova plavog patlidžana kretala se u opsegu od 134,86cm (K19) do 246,07 cm (K38). I kod jednog i kod drugog genotipa zapaženo je statistički značajno odstupanje od srednje vrednosti opšteg proseka. Uzimajući u obzir sve genotipove i lokalitete, najveću dužinu ploda imao je genotip K38 (254,87 cm). Genotipovi na lokalitetu Kusadak koji su imali značajno ($p < 0,01$) veću visinu su: K6, K13, K15, K16, K21, K22, K22, K25, K36 i K39. Takođe, srednja vrednost sa ovog lokaliteta je značajno ($p < 0,01$) veća od opšteg proseka. Koeficijent varijacije za genotip K1 iznosio je 0,12% a za K39 bio je 1,94% za lokalitet Smederevska Palanka.

Tabela 23. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za dužinu ploda na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

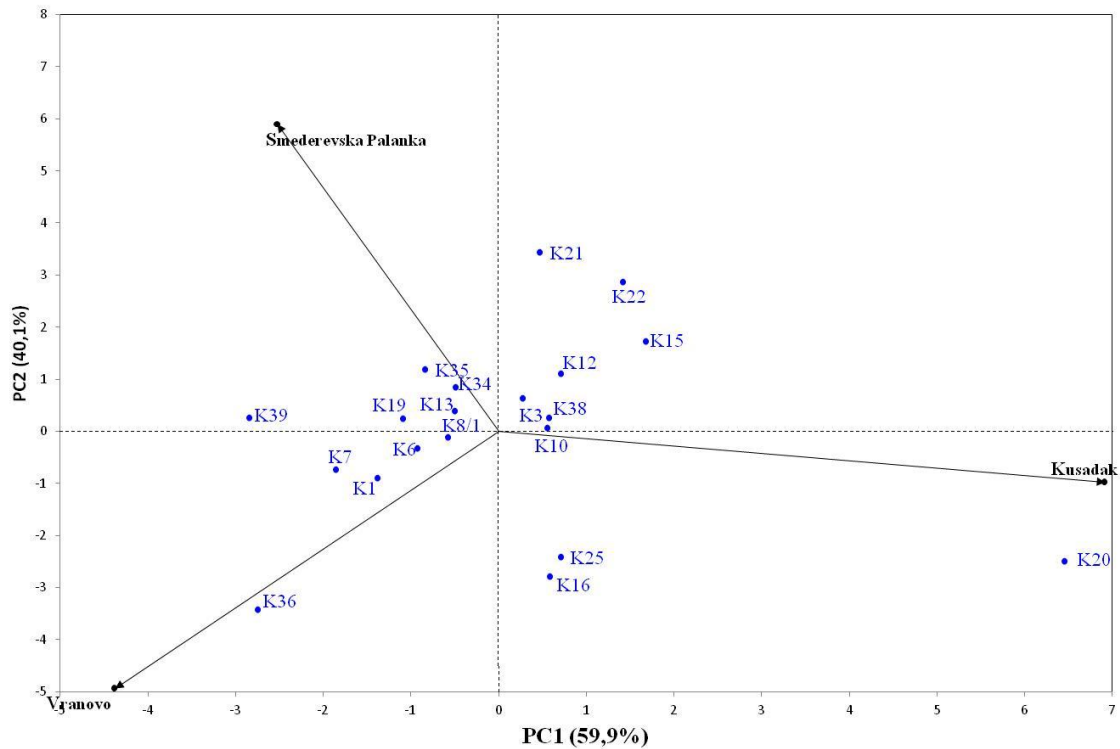
Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	
K1	171,33±0,12	0,21	0,12	172,93±0,58	1,01	0,58	185,27±1,34	2,32	1,25	176,51
K3	177,63±0,90	1,56	0,88	184,30±0,90	1,56	0,85	171,90±1,31	2,27	1,32	177,94
K6	192,63±0,90	1,55	0,80	194,70±0,81	1,40	0,72	199,63±1,01	1,75	0,88	195,66
K7	169,07±0,59	1,03	0,61	165,10±0,26	0,46	0,28	182,13±0,37	0,63	0,35	172,10
K8/1	136,10±0,40	0,70	0,51	139,88±0,52	0,91	0,65	140,03±0,34	0,59	0,42	138,67
K10	150,77±0,66	1,14	0,75	164,05±0,86	1,49	0,91	150,70±0,44	0,75	0,50	155,17
K12	155,28±0,87	1,50	0,97	162,87±0,50	0,86	0,53	143,67±1,54	2,66	1,85	153,94
K13	194,83±0,41	0,72	0,37	195,93±1,35	2,34	1,20	193,27±0,78	1,35	0,70	194,68
K15	176,30±0,45	0,78	0,44	188,80±0,67	1,15	0,61	156,20±0,15	0,26	0,17	173,77
K16	165,83±0,17	0,29	0,17	198,90±1,46	2,54	1,27	196,53±1,51	2,61	1,33	187,09
K19	135,67±0,23	0,40	0,30	132,21±0,53	0,93	0,70	136,70±0,50	0,87	0,63	134,86
K20	137,50±0,86	1,49	1,09	224,07±0,78	1,34	0,60	154,27±0,90	1,55	1,00	171,94
K21	217,47±1,05	1,81	0,83	206,83±1,53	2,65	1,28	181,10±1,21	2,10	1,16	201,80
K22	198,93±1,33	2,30	1,16	201,10±0,32	0,56	0,28	166,90±1,16	2,01	1,20	188,98
K25	158,13±0,29	0,50	0,32	189,90±0,70	1,21	0,64	184,63±1,37	2,37	1,28	177,56
K34	181,33±0,69	1,20	0,66	179,47±0,69	1,20	0,67	174,83±0,85	1,47	0,84	178,54
K35	196,70±0,70	1,22	0,62	189,13±0,63	1,07	0,57	187,07±1,76	3,04	1,63	190,97
K36	190,40±1,79	3,10	1,63	196,40±1,44	2,49	1,27	234,17±1,99	3,45	1,47	206,99
K38	242,73±1,76	3,04	1,25	254,87±1,86	3,21	1,26	240,60±1,50	2,61	1,08	246,07
K39	213,80±2,40	4,15	1,94	193,63±1,72	2,97	1,54	217,90±0,21	0,36	0,17	208,44
\bar{x}	178,12			186,75			179,87			181,58
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	lsd _{0,05}		1,67	lsd _{0,05}		0,65	lsd _{0,05}		2,90	
	lsd _{0,01}		2,21	lsd _{0,01}		0,86	lsd _{0,01}		3,83	

6.4.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za dužinu ploda po AMMI modelu

Analiza varijanse AMMI modela kod osobine dužina ploda plavog patlidžana (tabela 24) pokazuje značajne razlike između lokaliteta, genotipova, kao i njihovih interakcija. Čak 78,73% ukupne sume kvadrata se odnosi na efekat genotipa, dok je suma kvadrata $G \times L$ veća deset puta u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Velika suma kvadrata genotipova označava izražen diverzitet između posmatranih genotipova kad je u pitanju ova osobina. Takođe, na osnovu velike sume kvadrata interakcije možemo da zaključimo da su postojale značajne razlike između reakcije genotipova u okviru različitih spoljašnjih sredina. S obzirom da su se izdvojile dve glavne komponente (PC1 i PC2) i da one čine 100 % sume kvadrata interakcije, možemo da zaključimo da je AMMI model sa samo dve glavne komponente najbolji model (Zobel i sar., 1988).

Tabela 24. Analiza varijanse AMMI modela za dužinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F Vrednost
Genotip (G)	19	110.434,00	78,73	5.812,30	1.782,68 ^{**}
PON	6	31,00	0,02	5,20	1,59 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	2.499,00	1,78	1.249,30	240,42 ^{**}
$G \times L$	38	26.940,00	19,20	709,00	217,44 ^{**}
PC1 (59,9%)	20	16.131,39	59,88	806,57	247,38 ^{**}
PC2 (40,1%)	18	10.808,93	40,12	600,50	184,18 ^{**}
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	372,00	0,27	3,30	
Ukupno	179	140.276,00	100,00		



Grafikon 18. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu dužina ploda

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39

Na grafikonu 18 je prikazan odnos prve i druge glavne komponente - grafički prikazana interakcija $G \times L$. Manji ugao između vektora predstavlja veću sličnost u njihovoj interakciji (Babić i sar., 2010). Genotipovi koji se nalaze bliže centru preseka se odlikuju većom adaptabilnošću dok su genotipovi koji se nalaze najdalje od centra preseka najmanje stabilni.

Najmanje stabilan lokalitet, kad se posmatra dužina ploda bio je Kusadak, dok je najstabilniji bio Smederevska Palanka, što znači da je na tom lokalitetu bilo najmanje variranje ove osobine. Prema podacima prikazanim u tabeli 25, koeficijent AMMI stabilnosti za Smederevsku Palanku imao najmanju vrednost (7,00). Slabija interakcija

G × L, kao i stabilniji odnosno adaptabilniji genotipovi imaju manja vrednost koeficijenta AMMI stabilnosti, dok veće vrednosti koeficijenta imaju genotipovi koji su najmanje stabilni (Sadeghi i sar., 2011).

Najmanje stabilnom genotipu u ogledu K20 su pogodovali uslovi lokaliteta Kusadak gde su zabeleženi najstabilniji rezultati za posmatranu osobinu. Pored njega, uslovi u ovom lokalitetu su pogodovali i genotipovima: K3, K10, K38. Najstabilnije rezultate za dužinu ploda na lokalitetu Vranovo su zabeleženi kod genotipova K36, K1, K6, K7, K8/1, dok su se u Smederevskoj Palanci izdvojili genotipovi K13, K34 i K35. Najstabilniji genotip, sa najnižim koeficijentom AMMI stabilnosti (0,76) (Tabela 26) je bio K3.

Table 25. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu dužina ploda

Redni broj	Lokalitet	Dužina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	186.76	1	6.9091	-0.9703	10.36	3
2	Smederevska Palanka	178.12	3	-2.5258	5.8987	7.00	1
3	Vranovo	179.87	2	-4.3833	-4.9284	8.19	2

Tabela 26. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu dužina ploda

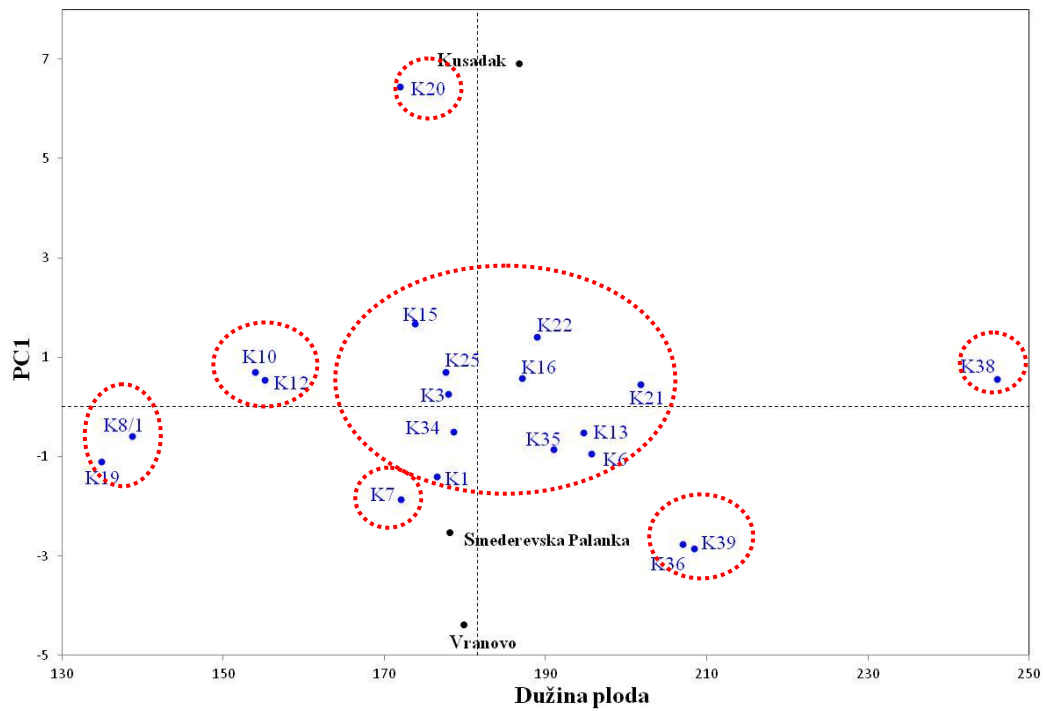
Redni broj	Genotip	Dužina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	176.51	13	-1.3908	-0.8867	2.26	11
2	K3	177.94	11	0.2622	0.6462	0.76	1
3	K6	195.66	5	-0.9324	-0.3249	1.43	7
4	K7	172.09	15	-1.8615	-0.7228	2.87	13
5	K8/1	138.68	19	-0.5858	-0.1012	0.88	4
6	K10	155.18	17	0.5484	0.0737	0.82	2
7	K12	153.94	18	0.6997	1.1161	1.53	8
8	K13	194.68	6	-0.5114	0.3941	0.86	3
9	K15	173.77	14	1.6706	1.7315	3.04	15
10	K16	187.09	9	0.5718	-2.7719	2.90	14
11	K19	134.86	20	-1.0971	0.2544	1.66	9
12	K20	171.94	16	6.4455	-2.4928	9.94	20
13	K21	201.80	4	0.4633	3.4410	3.51	16
14	K22	188.98	8	1.4103	2.8783	3.57	17
15	K25	177.56	12	0.7003	-2.4061	2.62	12
16	K34	178.54	10	-0.4960	0.8471	1.12	6
17	K35	190.97	7	-0.8458	1.1965	1.74	10
18	K36	206.99	3	-2.7595	-3.4073	5.35	19
19	K38	246.07	1	0.5621	0.2622	0.88	5
20	K39	208.44	2	-2.8539	0.2726	4.27	18

Na grafikonu 19 je prikazan AMMI model 1 biplot (odnos prve glavne komponente i prosečne vrednosti osobine). Pozitivna vrednost prve glavne komponente i iznad prosečna vrednost dužine ploda je zabeležena kod lokaliteta Kusadak, dok je negativna vrednost prve glavne komponente i ispod prosečna vrednost dužine ploda zabeležena u preostala dva lokaliteta (Smederevska Palanka i Vranovo). Kusadak se razlikovao zato što je imao povoljnije klimatske uslove sa pravilnim rasporedom padavina, gde se usev dodatno zalivao.

Na grafikonu 19 se izdvojilo 11 genotipova sa najvećom stabilnošću od kojih 5 sa ispod prosečnom vrednošću dužine ploda (K1, K3, K15, K25, K34) i 6 sa iznad prosečnom vrednošću dužine ploda (K6, K13, K16, K21, K22, K35). Ovi genotipovi su pozitivno reagovali na uslove spoljašnje sredine koja je uticala na dužinu ploda. Genotip K38 se izdvojio u gornjem desnom kvadrantu (pozitivna PC1, iznad prosečna vrednost osobine), kao genotip sa najdužim plodom.

Kao i na grafikonu 18, i na grafikonu 19 je genotip K20 postavljen najbliže lokalitetu Kusadak, te možemo da zaključimo da ovom genotipu najviše odgovaraju spoljašnji uslovi ovog lokaliteta. Poželjnim genotipom za određenu sredinu se smatra onaj koji postigne najveći prosečan prinos sa najsličnijom interakcijom (Babić i sar., 2010).

Genotipovi K36 i K39 se odlikuju dugačkim plodovima, međutim u uslovima posmatrana tri lokaliteta su se pokazali kao jako nestabilni. S druge strane, K2 i K10, kao i K8/1 i K19 su stabilni genotipovi sa kratkim plodovima. Genotip K7 se izdvojio u donjem, levom kvadrantu, gde su se takođe izdvojili i lokaliteti Vranovo i Smederevska Palanka, te možemo da zaključimo da je sa spoljašnjim uslovima na ovim lokalitetima pozitivno interreagovao.



Grafikon 19. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za dužinu ploda

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39

6.5. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za širinu ploda

Pošto širina ploda predstavlja veoma bitnu osobinu za formiranje oblika ploda, bila je predmet izučavanja većeg broja istraživača (Chadha i sar., 1987; Singh i Singh, 1985).

Analizom varijanse (ANOVA) utvrđene su veoma značajne razlike između proučavanih genotipova, lokaliteta i interakcije genotip × spoljna sredina za širinu ploda (tabela 27).

Tabela 27. ANOVA za širinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljjanje	2	7,49	3,75	1,53 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	55.439,00	2.917,84	1.187,68 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	83,27	41,64	16,95 ^{**}	3,07	4,80
G × L	38	4.588,65	120,75	49,15 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	289,90	2,46			
Ukupno	179	60.408,31				

Rezultati prikazani u tabeli 28 ukazuju na to da su postojale značajne razlike između genotipova i to na osnovu lsd testa. Kod genotipa K19 je zabeležena najveća prosečna širina ploda (120,05 mm) i ovaj genotip se značajno ($p < 0,001$) razlikovao u odnosu na prosečne vrednosti ostalih posmatranih genotipova. Najveću prosečnu vrednost za širinu ploda na lokalitetu Smederevska Palanka imao je genotip K19 sa širinom od 123,50 mm, a isti genotip je i na lokalitetu Vranovo imao najveću vrednost (117,33 mm). Značajno najmanji prosek za ispitivanu osobinu na lokalitetima Smederevska Palanka i Kusadak imao je genotip K38 (54,33 mm i 54,82 mm). Koeficijent varijacije je bio u intervalu od 0,47% do 3,03% na lokalitetu Smederevska Palanka. Genotip K6 je imao najmanji Cv na lokalitetu Kusadak, a najveći koeficijet varijacije genotip K8/1 (4,95%). Na trećem lokalitetu Cv se kretao u opsegu od 0,57%(K25) do 4,32%(K1).

Tabela 28. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za širinu ploda na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

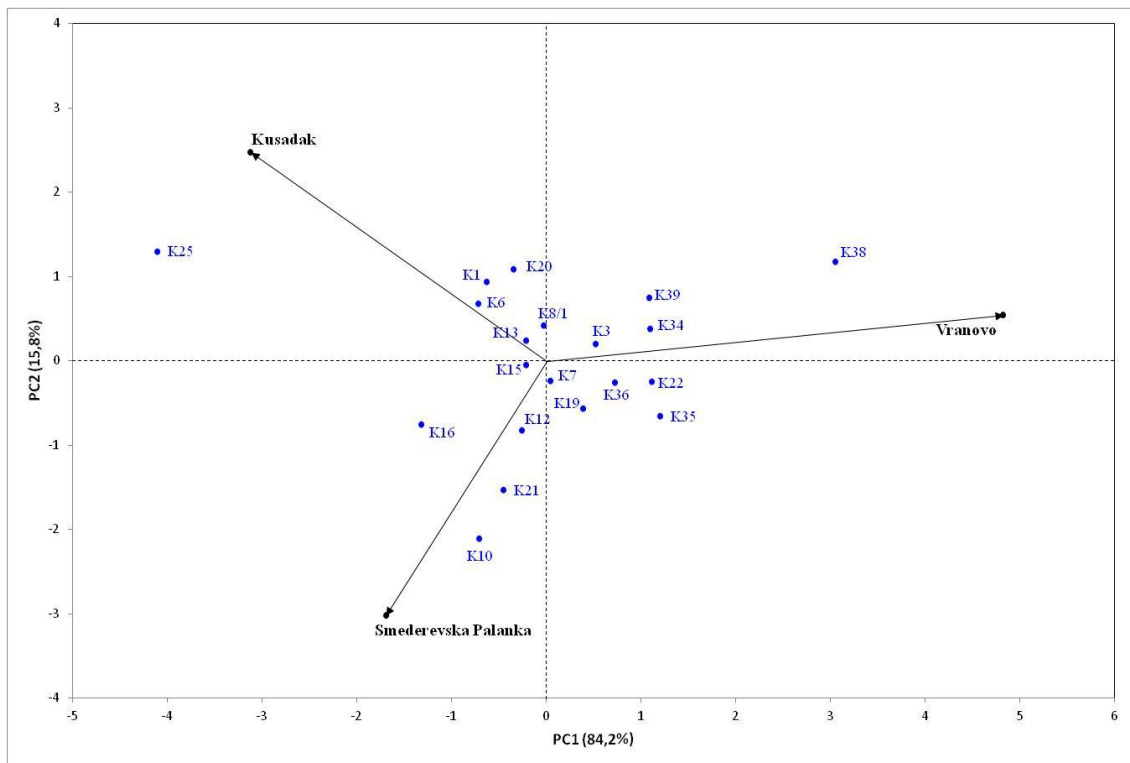
Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	
K1	61,33±0,64	1,12	1,82	67,40±0,29	0,50	0,74	59,05±1,47	2,55	4,32	62.59
K3	70,73±1,24	2,15	3,03	77,23±0,91	1,57	2,03	70,83±0,83	1,44	2,03	72.93
K6	76,27±0,55	0,96	1,26	73,82±0,22	0,38	0,51	78,57±0,65	1,13	1,44	76.22
K7	84,27±0,13	0,23	0,27	86,37±1,05	1,81	2,10	106,84±1,30	2,25	2,11	92.49
K8/1	89,07±0,72	1,25	1,40	91,63±2,62	4,53	4,95	97,25±1,29	2,23	2,29	92.65
K10	69,33±0,62	1,07	1,55	69,75±0,49	0,84	1,21	71,93±0,13	0,23	0,31	70.34
K12	69,77±0,19	0,33	0,47	74,53±1,33	2,31	3,10	66,05±0,33	0,56	0,85	70.12
K13	56,63±0,71	1,23	2,17	55,27±0,32	0,55	0,99	54,55±0,51	0,88	1,62	55.48
K15	54,98±1,22	2,12	3,85	57,33±0,83	1,45	2,52	54,78±0,87	1,50	2,74	55.70
K16	70,75±0,48	0,83	1,17	60,22±0,35	0,60	1,00	57,10±0,69	1,19	2,09	62.69
K19	123,50±1,75	3,03	2,45	119,32±0,56	0,98	0,82	117,33±0,85	1,47	1,25	120.05
K20	68,47±0,52	0,91	1,33	70,13±0,64	1,11	1,58	66,42±0,82	1,42	2,14	68.34
K21	57,58±1,29	2,24	3,89	57,65±1,59	2,75	4,78	54,53±0,27	0,48	0,87	56.59
K22	67,57±0,44	0,76	1,12	65,30±0,59	1,01	1,55	54,72±0,95	1,64	3,00	62.53
K25	63,93±1,16	2,01	3,15	60,30±1,30	2,25	3,73	62,92±0,21	0,36	0,57	62.38
K34	84,30±0,23	0,40	0,47	76,53±0,45	0,78	1,01	74,33±0,99	1,71	2,31	78.39
K35	89,73±0,96	1,66	1,85	86,77±0,97	1,68	1,93	94,57±0,35	0,60	0,64	90.36
K36	111,87±0,50	0,86	0,77	124,90±0,46	0,79	0,64	88,22±1,24	2,15	2,44	108.33
K38	54,33±0,81	1,40	2,59	54,82±0,37	0,63	1,15	61,30±0,45	0,79	1,28	56.82
K39	79,63±1,52	2,63	3,30	74,28±0,46	0,80	1,08	83,63±1,03	1,79	2,14	79.18
\bar{x}	75,20			75,18			73,75			74,71
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	lsd _{0,05}		1,44	lsd _{0,05}		0,56	lsd _{0,05}		2,49	
	lsd _{0,01}		1,90	lsd _{0,01}		0,74	lsd _{0,01}		3,29	

6.5.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za širinu ploda po AMMI modelu

U tabeli 29 prikazana je AMMI analiza kod osobine širina ploda. Rezultati pokazuju značajne razlike između lokaliteta, genotipova kao i njihovih interakcija. 91,78% ukupne sume kvadrata se odnosi na efekat genotipova. Velika suma kvadrata genotipova označava veoma izraženu divergentnost između posmatranih genotipova za ispitivanu osobinu. Suma kvadrata $G \times L$ je čak 58 puta veća u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Ovo znači da je postojala značajna razlika između reakcije genotipova u različitim uslovima spoljne sredine, što se može zaključiti iz velike sume kvadrata interakcija. Rezultati takođe pokazuju da sume kvadrata prve i druge glavne komponente (PC1 i PC2) čine 100% sume kvadrata interakcije, što dovodi do zaključka da u najvećem broju slučajeva (70%), AMMI model sa značajnom prvom glavnom komponentom (PC1) bio najbolji model za opis interakcije (Gauch i Zobel, 1996).

Tabela 29. Analiza varijanse AMMI modela za širinu ploda

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F Vrednost
Genotip (G)	19	55.416,00	91,78	2.916,62	1.288,30 ^{**}
PON	6	39,00	0,07	6,44	2,85 [*]
Lokalitet (L)	2	82,00	0,13	40,76	6,33 [*]
$G \times L$	38	4.585,00	7,59	120,65	53,29 ^{**}
PC1 (84,2%)	20	3.859,32	84,17	192,97	85,23
PC2 (15,8%)	18	725,49	15,83	40,31	17,80
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	258,00	0,43	2,26	
Ukupno	179	60.380,00	100,00		



Grafikon 20. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu širina ploda

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39

Na grafikonu 20 prikazan je AMMI 2 model biplot (PC1 i PC2), odnosno grafički je prikazana interakcija genotip \times lokalitet ($G \times L$). Genotipovi koji su grupisani na grafikonu imaju sličnu adaptabilnost (Balalić, 2010), genotipovi koji se nalaze blizu centra preseka se mogu smatrati da su najstabilniji, dok genotipovi koji se nalaze najdalje od centra preseka najmanje stabilni.

Posmatrajući osobinu širina ploda, najmanje stabilan lokalitet je bilo Vranovo, (najduži vektor, najudaljeniji od centra preseka), dok je najstabilniji bio Smederevska Palanka (najkraći vektor, najbliži centru preseka). Ovi podaci se podudaraju sa

rezultatima u tabeli 30, gde je koeficijent AMMI stabilnosti za Smederevsku Palanku imao najmanju vrednost (9,50).

Uslovi sredine na lokalitetu Kusadak pogodovale su genotipovima K1, K6, K13, i oni su imali najveću stabilnost u uslovima ovog lokaliteta. Najmanje stabilnom genotipu u ogledu (K25) pogodovali su uslovi spoljašnje sredine koji su karakterisali Kusadak, a genotipu K38 koji je takođe bio nestabilan odgovarali su uslovi sredine Vranovo. Tu su zabeleženi najstabilniji rezultati za ispitivanu osobinu kod ovih genotipova. Najstabilniji rezultati za širinu ploda na lokalitetu Smederevska Palanka zabeleženi su kod genotipova K7, K12, K10, K21 dok su se u Vranovu izdvojili genotipovi K3, K22, K34, K36. Najstabilniji genotip je K7 koji je imao najmanji koeficijent AMMI stabilnosti (0,28) (tabela 31), što se podudara sa grafikonom 20, gde je on bio najbliži centru.

Table 30. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu širina ploda

Redni broj	Lokalitet	Širina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	75.19	2	-3.1260	2.4760	16.81	2
2	Smederevska Palanka	75.21	1	-1.6934	-3.0206	9.50	1
3	Vranovo	73.77	3	4.8195	0.5446	25.64	3

Tabela 31. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu širina ploda

Redni broj	Genotip	Širina ploda		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	62.61	14	-0.6375	0.9415	3.52	10
2	K3	70.37	10	0.5059	0.2086	2.70	8
3	K6	70.13	11	-0.7302	0.6808	3.94	12
4	K7	55.51	20	0.0283	-0.2373	0.28	1
5	K8/1	55.72	19	-0.0418	0.4236	0.48	2
6	K10	62.71	13	-0.7225	-2.1007	4.38	13
7	K12	120.07	1	-0.2696	-0.8244	1.65	5
8	K13	68.34	12	-0.2271	0.2480	1.23	4
9	K15	56.61	18	-0.2220	-0.0418	1.18	3
10	K16	62.54	15	-1.3310	-0.7553	7.12	18
11	K19	62.39	16	0.3737	-0.5597	2.07	6
12	K20	72.94	9	-0.3572	1.0934	2.19	7
13	K21	78.40	7	-0.4665	-1.5306	2.92	9
14	K22	90.37	5	1.1039	-0.2481	5.88	16
15	K25	108.33	2	-4.1202	1.3013	21.96	20
16	K34	56.83	17	1.0884	0.3786	5.80	15
17	K35	79.19	6	1.1937	-0.6553	6.38	17
18	K36	76.23	8	0.7170	-0.2519	3.82	11
19	K38	92.49	4	3.0406	1.1785	16.22	19
20	K39	92.67	3	1.0740	0.7508	5.76	14

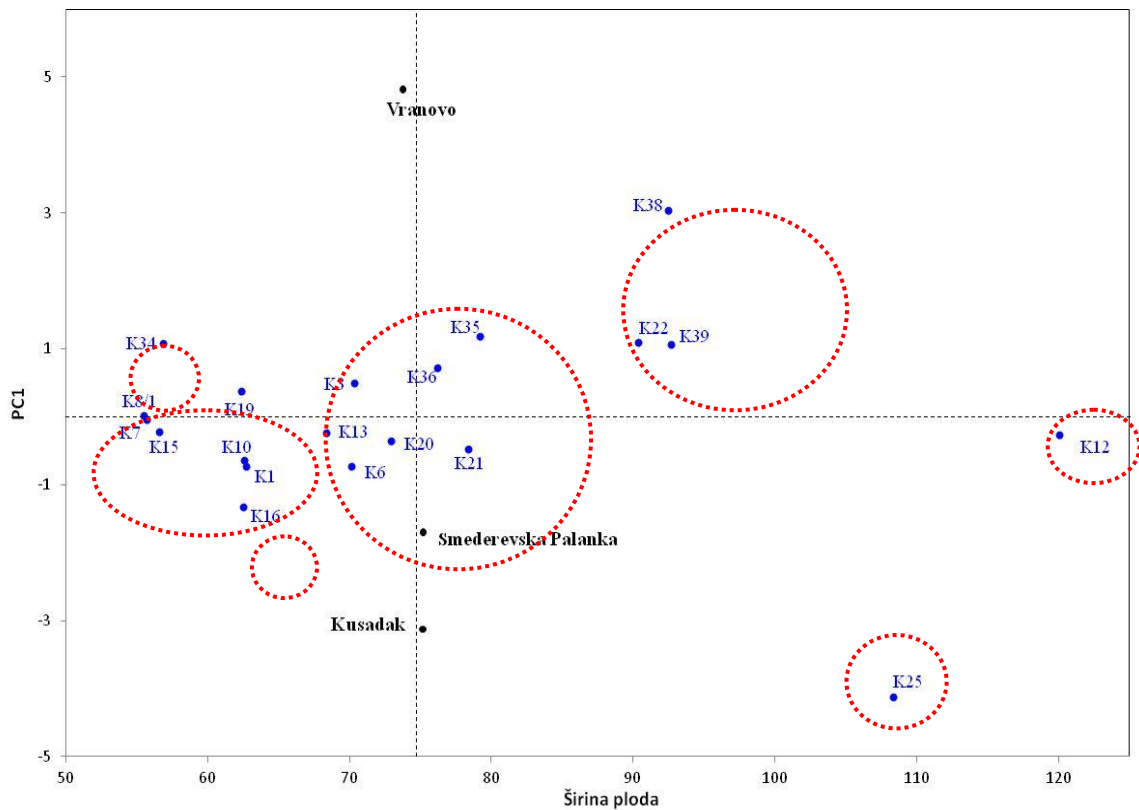
Na grafikonu 21 je prikazan AMMI model 1 biplot (odnos prve glavne komponente i prosečne vrednosti osobine). Pozitivna vrednost prve glavne komponente i ispod prosečna vrednost širine ploda zabeležena je na lokalitetu Vranovo, dok je negativna vrednost prve glavne komponente i vrednosti koje su bile oko proseka širine ploda zabeležene su u preostala dva lokaliteta (Smederevska Palanka i Kusadak).

Na grafikonu 21 se izdvojilo 7 genotipova sa najvećom stabilnošću od kojih je 4 sa vrednostima ispod proseka za širinu ploda (K3, K6, K13, K20) i 3 sa iznad prosečnom vrednošću širine ploda (K21, K35 i K36). Genotipovi K22, K38 i K39 su se izdvojili u gornjem desnom kvadrantu kao genotipovi sa širinom ploda iznad proseka. Međutim, na osnovu koeficijenta AMMI stabilnosti, kao i položaja na AMMI 1 biplotu (grafikon 21) može da se zaključi da su ova tri genotipa jako nestabilna u uslovima tri posmatrana lokaliteta. Genotip sa najvećom širinom ploda a sa visokom stabilnošću je bio K12.

Kao i na grafikonu 20, i na grafikonu 21 genotip K21 je postavljen najbliže lokalitetu Smederevska Palanka, te se može zaključiti da ovom genotipu najviše odgovaraju spoljašnji uslovi ovog genotipa.

Za genotipove koji su se izdvojili u donjem levom kvadrantu, gde su se takođe izdvojili i lokaliteti Kusadak i Smederevska Palanka se može zaključiti da su pozitivno reagovali na uslove spoljašnje sredine ova dva lokaliteta. Srednje vrednosti sva tri lokaliteta su bile na nivou opšteg proseka.

Iako je prosečna vrednost širine ploda kod genotipova K7, K8/1, K15, K19 bila niža u odnosu na ukupan prosek ogleda, ovi genotipovi su bili stabilni.



Grafikon 21. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu širina ploda

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

6.6. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za visinu biljke

Zabeležene su značajne razlike između analiziranih genotipova i lokaliteta visine biljke plavog patlidžana. Čak 91,27% ukupne sume kvadrata je činila suma kvadrata genotipa, dok je suma kvadrata lokaliteta činila 4,15% ukupne sume kvadrata. Međutim, na osnovu dobijene F vrednosti možemo da zaključimo da su se oba

posmatrana faktora odlikovala vrlo značajnom varijabilnošću za visinu biljke. Interakcija genotip x spoljna sredina (lokalitet) je takođe bila visoko značajna ($p < 0,001$) (tabela 32).

Tabela 32. ANOVA za visinu biljke

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljjanje	2	1,94	0,97	0,78 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	8.395,62	441,87	354,10 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	381,91	190,96	153,02 ^{**}	3,07	4,80
G x L	38	271,87	7,15	5,73 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	147,25	1,25			
Ukupno	179	9.198,59				

Na osnovu rezultata prikazanih u tabeli 33, uočena su statistički značajna odstupanja za visinu biljke i to kod genotipova K1, K6, K16, K25, K36, K38, K39 u odnosu na opšti prosek. Prosečna visina biljke uzimajući u obzir 20 genotipova i tri lokaliteta iznosila je 75,27 cm.

Genotipovi K13 (76,70cm), K15 (76,32cm), K34 (77,71 cm) su takođe postigli iznad prosečnu vrednost.

Na lokalitetu Kusadak postignuta je značajno najveća visina biljke plavog patlidžana (77,09 cm). Na tom lokalitetu 12 genotipova je imalo vrednost iznad proseka (K1, K6, K7, K13, K15, K16, K20, K25, K34, K36, K38, K39), a genotip K38 imao je značajno najveću vrednost za posmatranu osobinu (89,05 cm).

Na lokalitetu Smederevska Palanka genotip K39 je imao najveću prosečnu vrednost za visinu biljke (85,62 cm), dok je namanju prosečnu vrednost imao genotip

K3 (59,78 cm). Razlike u visini biljke između genotipova su statistički značajne. Koeficijent varijacije kod ove osobine kretao se u intervalu 0,25% (K21) do 4,15% (K34) na lokalitetu Smederevska Palanka. Na osnovu lsd testa prosečna vrednost lokaliteta Vranovo nije statistički značajno odstupala od opšte srednje vrednosti za posmatranu osobinu. Takođe, na osnovu parametara u tabeli 33, može se zaključiti da su postojale značajne razlike i između lokaliteta. Jedino kod tri genotipa (K10, K19, K25) nisu zabeležene značajne razlike za visinu biljke na sva tri lokaliteta, što se može zaključiti da su bili najstabilniji na sva tri lokaliteta.

Tabela 33. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija i koeficijent varijacije za visinu biljke na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

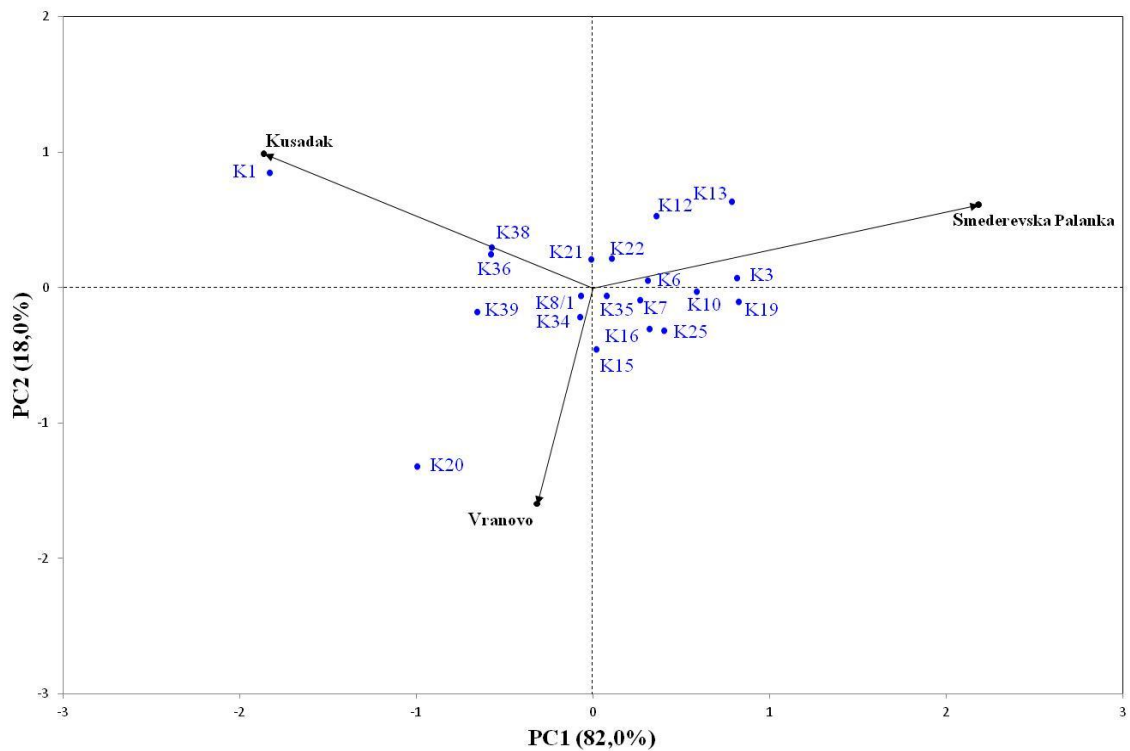
Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	$\bar{x}\pm Se$	Sd	Cv	
K1	74,13±0,46	0,80	1,08	85,48±0,89	1,55	1,81	78,60±0,62	1,07	1,36	79.41
K3	59,78±0,71	1,23	2,05	66,92±0,07	0,13	0,19	66,95±0,36	0,63	0,94	64.55
K6	83,62±1,68	2,90	3,47	89,65±0,77	1,33	1,48	86,17±0,61	1,06	1,23	86.48
K7	71,28±0,44	0,76	1,06	77,32±0,70	1,22	1,58	73,97±1,30	2,25	3,05	74.19
K8/1	64,23±0,27	0,47	0,74	70,42±0,33	0,58	0,82	68,60±0,53	0,91	1,33	67.75
K10	69,18±1,11	1,92	2,77	69,52±0,25	0,43	0,61	68,77±0,70	1,21	1,76	69.16
K12	65,60±0,56	0,96	1,47	67,93±0,26	0,45	0,67	66,67±0,70	1,21	1,81	66.73
K13	75,80±0,58	1,00	1,32	78,27±0,21	0,37	0,47	76,03±0,59	1,03	1,35	76.70
K15	74,40±1,01	1,74	2,34	78,23±0,39	0,67	0,86	76,33±0,87	1,50	1,97	76.32
K16	78,21±0,62	1,07	1,37	79,40±0,40	0,69	0,87	78,37±0,34	0,58	0,74	78.66
K19	67,33±0,47	0,81	1,21	69,68±0,47	0,81	1,17	68,15±0,38	0,65	0,96	68.39
K20	79,22±0,26	0,45	0,57	79,93±0,23	0,40	0,51	76,63±0,07	0,12	0,15	78.59
K21	65,28±0,09	0,16	0,25	68,63±0,20	0,34	0,50	68,98±0,38	0,67	0,97	67.63
K22	66,83±0,61	1,06	1,59	69,02±0,17	0,30	0,44	68,42±0,25	0,43	0,62	68.09
K25	79,23±0,95	1,65	2,08	79,45±0,58	1,01	1,27	78,03±0,75	1,29	1,66	78.91
K34	75,93±1,82	3,15	4,15	79,65±0,34	0,59	0,74	77,53±0,18	0,32	0,41	77.71
K35	70,73±0,50	0,86	1,22	73,95±0,15	0,26	0,36	72,28±0,30	0,53	0,73	72.32
K36	78,90±0,28	0,48	0,61	80,77±0,72	1,25	1,55	79,42±0,34	0,58	0,74	79.69
K38	85,18±1,42	2,45	2,88	89,05±0,13	0,23	0,26	86,95±0,31	0,54	0,62	87.06
K39	85,62±0,55	0,95	1,11	88,55±0,25	0,44	0,49	86,87±0,26	0,45	0,52	87.01
\bar{x}	73,53			77,09			75,19			75,27
	Genotip			Lokalitet			Genotip x Lokalitet			
	lsd _{0,05}		1,04	lsd _{0,05}		0,40	lsd _{0,05}		1,81	
	lsd _{0,01}		1,38	lsd _{0,01}		0,53	lsd _{0,01}		2,39	

6.6.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za visinu biljke po AMMI modelu

Analiza varijanse AMMI modela (tabela 34) pokazuje značajne razlike između genotipova, lokaliteta kao i njihovih interakcija za visinu biljke i to čak 91,60% ukupne sume kvadrata se odnosilo na efekat genotipa. Ovako veliki procenat sume kvadrata može se objasniti prisustvom velike divergentnosti kod genotipova. Vrednost sume kvadrata lokaliteta je dva puta veća od sume kvadrata interakcije, što se može objasniti postojanjem značajnih razlika između lokaliteta. Pošto je suma kvadrata interakcije 2,69 %, ovo upućuje na to da je odnos genotip \times lokalitet dosta manji. Rezultati takođe pokazuju da sume kvadrata prve i druge glavne komponente (PC1 i PC2) čine 100% sume kvadrata interakcije. Shafi i Price (1998) ističu prednost AMMI modela u situaciji značajne interakcije.

Tabela 34. Analiza varijanse AMMI modela za visinu biljke

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F vrednost
Genotip (G)	19	8.637,30	91,60	454,59	363,15 ^{**}
PON	6	8,20	0,09	1,37	1,09 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	387,10	4,11	193,53	141,63 ^{**}
G \times L	38	253,70	2,69	6,68	5,33 ^{**}
PC1 (82,0%)	20	208,08	82,00	10,40	8,31 ^{**}
PC2 (18,0%)	18	45,66	18,00	2,54	2,03 [*]
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	142,70	1,51	1,25	
Ukupno	179	9.429,00	100,00		



Grafikon 22. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu visina biljke

Legenda: Lokaliteti: SmederevskaPalanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

Na grafikonu 22 prikazan je odnos prve i druge glavne komponente (PC1 i PC2). Genotipovi (18 od 20) su grupisani oko centra, što ukazuje na njihovu stabilnost u različitim lokalitetima.

Kada se posmatraju ASV vrednosti za visinu biljke, najstabilniji lokalitet je Vranovo i po rangju je na prvom mestu. Najmanja stabilnost uočena je na lokalitetu Smederevska Palanka gde je koeficijent AMMI stabilnosti imao najveću vrednost i iznosio je 9,96 (tabeli 35). Ovo je u skladu sa grafikonom 22, gde se vidi da je dužina vektora lokaliteta Vranova najkraća. Većina genotipova je grupisana upravo oko ovog

vektora, pa se može zaključiti da je stabilnost ovih genotipova naročito bila izražena u uslovima ovog lokaliteta.

Analizirajući tabelu 36, prema koeficijentu AMMI stabilnosti, najmanje stabilan genotip je K1 (8,41), i po rangju je na 20-om mestu. Međutim, njemu su pogodovali spoljašnji uslovi sredine koji su bili karakteristični za lokalitet Kusadak, gde su zabeleženi najstabilniji rezultati za posmatranu osobinu. Osim njega, genotipovi kod kojih je takođe uočeno da su im uslovi sredine odgovarali (Kusadak) su K36, K38. S druge strane, genotip K20 je takođe bio nestabilan za datu osobinu ali i njemu su pogodovali uslovi spoljne sredine za lokalitet Vranovo. U okviru ovog lokaliteta, izdvajaju se genotipovi K8/1, K34 i K15 koji su imali najveću adaptabilnost a sa rangom 2, 4 i 5 (tabela 36). Najstabilnije rezultate na lokalitetu Smederevska Palanka za navedenu osobinu imali su genotipovi K3, K6, K7, K10, K22, K35. Iz tabele 36 uočava se da je najstabilniji genotip bio K21 koji je imao najmanji koeficijent AMMI stabilnosti (0,22), odnosno kod ovog genotipa je zabeležen najniži nivo interakcije genotipa i spoljašnje sredine. Iz ovoga se može zaključiti da je većina genotipova imala dobru stabilnost za posmatranu osobinu.

Table 35. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu visina biljke

Redni broj	Lokalitet	Visina biljke		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	77,11	1	-1,8624	0,9880	8.54	2
2	Smederevska Palanka	73,52	3	2,1813	0,6099	9.96	3
3	Vranovo	75,28	2	-0,3190	-1,5979	2.16	1

Tabela 36. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu visina biljke

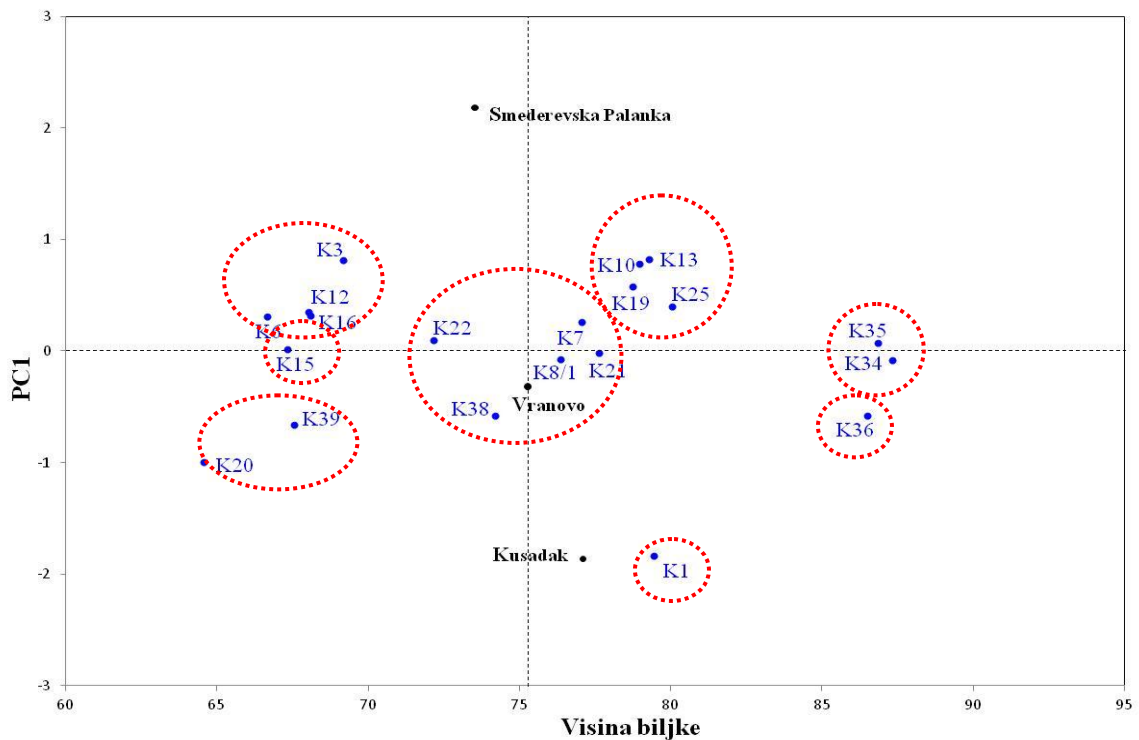
Redni broj	Genotip	Visina biljke		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	79,43	5	-1.8349	0.8513	8.41	20
2	K3	69,17	14	0.8126	0.0725	3.70	17
3	K6	66,68	19	0.3081	0.0550	1.41	8
4	K7	77,07	10	0.2617	-0.0887	1.20	7
5	K8/1	76,38	11	-0.0733	-0.0566	0.34	2
6	K10	78,73	8	0.5807	-0.0273	2.65	13
7	K12	68,02	16	0.3528	0.5328	1.69	10
8	K13	78,96	7	0.7827	0.6347	3.62	16
9	K15	67,33	18	0.0130	-0.4563	0.46	5
10	K16	68,11	15	0.3160	-0.3012	1.47	9
11	K19	79,29	6	0.8209	-0.1030	3.74	18
12	K20	64,57	20	-0.9991	-1.3182	4.74	19
13	K21	77,62	9	-0.0154	0.2099	0.22	1
14	K22	72,17	13	0.1004	0.2146	0.51	6
15	K25	80,04	4	0.3969	-0.3174	1.84	11
16	K34	87,32	1	-0.0799	-0.2153	0.42	4
17	K35	86,86	2	0.0749	-0.0584	0.35	3
18	K36	86,49	3	-0.5757	0.3009	2.64	12
19	K38	74,20	12	-0.5808	0.2463	2.66	14
20	K39	67,57	17	-0.6615	-0.1756	3.02	15

Na grafikonu 23 prikazan je AMMI model 1 biplot (odnos prve glavne komponente i prosečne vrednosti osobine). Na lokalitetima Vranovo i Kusadak zabeležena je negativna vrednost prve glavne komponente. Međutim, prosečna vrednost za visinu biljke, svojstvena je za lokalitet Vranovo, dok je za Kusadak zabeležena iznad prosečna vrednost za ovu osobinu. Pozitivna vrednost prve glavne komponente i ispod prosečna vrednost visine biljke uočena je kod lokaliteta Smederevska Palanka.

Šest genotipova sa najvećom stabilnošću i to K7, K8/1, K21, K22, K38 izdvojili su se u dve grupe. Prva grupa sa iznad prosečnom vrednošću za visinu biljke (K7 i K22) i druga grupa sa vrednostima ispod proseka (K8/1, K21 i K38). Genotipovi koji su se izdvojili u gornjem desnom kvadrantu su genotipovi sa najvećom visinom biljke (pozitivna PC1 za K35 i negativna PC1 za K34).

Na grafikonima 22 i 23 može se uočiti da je genotip K1 postavljen najbliže lokalitetu Kusadak, što se može objasniti da njemu najviše odgovaraju spoljnji uslovi svojstveni za ovaj lokalitet, dok je genotip K20 najbliže lokalitetu Vranovo. Ukoliko je vrednost prve glavne komponente genotipa ili sredine blizu nule, može se zaključiti da taj genotip odnosno sredina imaju mali efekat interakcije (Mahalingam i sar., 2006).

Na osnovu analize srednjih vrednosti i lsd testa zaključujemo da su kod genotipova K10, K19 i K25 zabeleženi rezultati sa niskom varijabilnošću, međutim, na osnovu AMMI analize može da se zaključi da su ovi genotipovi, kad se posmatra visina biljke nestabilni, sa visokim vrednostima ASV (2,65 (rang 13), 3,74 (18), 1,84 (11)).



Grafikon 23. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu visina biljke

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

6.7. Srednje vrednosti, varijabilnost i koeficijent varijacije za ranostasnost

Jedna od važnijih kvantitativnih osobina jeste ranostasnost. Predstavlja dužinu perioda od početka nicanja do cvetanja. Veći broj autora je u svojim istraživanjima analizirao ovu osobinu (Nalini i sar., 2011; Dharme Gowda i sar., 1979).

Utvrđena je statistička značajnost efekata genotipa i lokaliteta za ranostasnost, na osnovu dvofaktorijalne analize varijanse. Interakcija genotip × spoljna sredina

(lokalitet) ($G \times L$) je takođe značajna (tabela 37). Efekat genotipa je najizraženiji (suma kvadrata genotipa čini 85,70% ukupne sume kvadrata) dok su efekti lokaliteta i interakcije podjednaki. Međutim, suma kvadrata interakcije čini 8,43% ukupne sume kvadrata, dok suma kvadrata lokaliteta čini svega 0,50% ukupne sume kvadrata. Može se zaključiti da interakcije u većem procentu učestvuje u ukupnoj varijabilnosti kod ranostasnosti od lokaliteta.

Tabela 37. ANOVA za ranostasnost

Izvor varijacije	Stepeni slobodi	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	F vrednost	F – tablično	
					0,05	0,01
Ponavljjanje	2	1,14	0,57	1,11 ^{nz}	3,07	4,80
Genotip (G)	19	989,13	52,06	100,94 ^{**}	1,68	2,06
Lokalitet (L)	2	5,81	2,91	5,63 ^{**}	3,07	4,80
$G \times L$	38	97,30	2,56	4,96 ^{**}	1,51	1,78
Greška	118	60,86	0,52			
Ukupno	179	1.154,24				

U tabeli 38 prikazane su srednje vrednosti, standardna devijacija i koeficijent varijacije za ranostasnost plavog patlidžana. Prosečna vrednost za sve genotipove i lokalitete iznosi je 79,74 dana. Najranostasniji genotipovi su K7 (77,0), K13 (77,67), K16 (77,0), K19 (77,33), K35 (76,33) i K36 (76,33) i imali su srednju vrednost ispod opšteg proseka. Slične zaključke izvela je Damnjanović (1999), gde je najranostasniji genotip imao 73,33 dana, a najkasniji je imao 83,00 dana. Na lokalitetu Smederevska Palanka genotipu K12 je bio potreban najveći broj dana do cvetanja (86,00), a najmanji K36 (76,00). Genotipovi K16 i K19 su bili najranostasniji na lokalitetu Kusadak. Koeficijent varijacije je bio kod genotipova K1 i K35 (0,73%) a kod K16 (6,84%). Na lokalitetu Vranovo varijabilnost između genotipova je bila nula.

Tabela 38. Aritmetička sredina, standardna greška, standardna devijacija, varijansa i koeficijent varijacije za ranostasnost na lokalitetima: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo

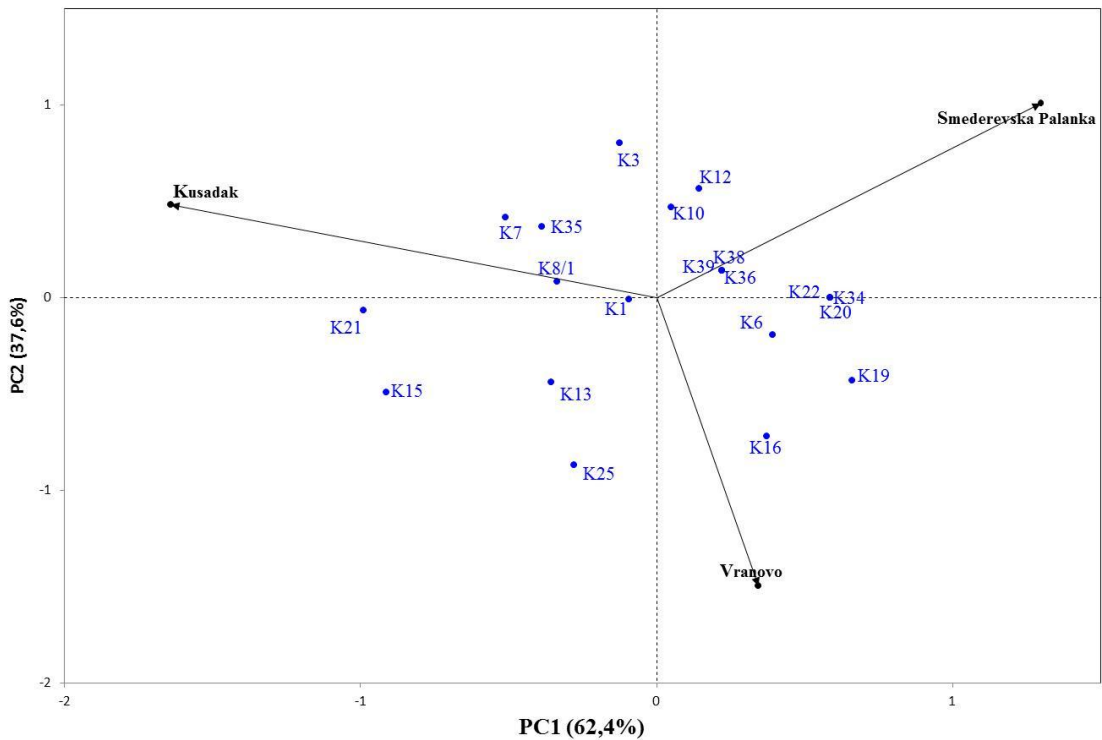
Genotip	Smederevska Palanka			Kusadak			Vranovo			\bar{x}
	$\pm Se$	Sd	Cv	$\pm Se$	Sd	Cv	$\pm Se$	Sd	Cv	
K1	79,33±0,33	0,58	0,73	79,33±0,33	0,58	0,73	79,00±0,00	0,00	0,00	79,22
K3	80,33±0,67	1,15	1,44	80,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	79,44
K6	79,33±0,33	0,58	0,73	78,00±0,00	0,00	0,00	79,00±0,00	0,00	0,00	78,78
K7	77,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	76,00±0,00	0,00	0,00	77,00
K8/1	80,33±0,33	0,58	0,72	81,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	80,44
K10	83,67±0,33	0,58	0,69	83,00±0,00	0,00	0,00	82,00±0,00	0,00	0,00	82,89
K12	86,00±0,00	0,00	0,00	85,00±0,00	0,00	0,00	84,00±0,00	0,00	0,00	85,00
K13	77,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	77,67
K15	78,33±0,33	0,58	0,74	81,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	79,78
K16	77,00±0,00	0,00	0,00	76,00±3,00	5,20	6,84	78,00±0,00	0,00	0,00	77,00
K19	78,00±0,00	0,00	0,00	76,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	77,33
K20	81,00±0,00	0,00	0,00	79,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	80,00
K21	79,33±0,33	0,58	0,73	82,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	80,44
K22	82,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	81,00±0,00	0,00	0,00	81,00
K25	83,00±0,00	0,00	0,00	84,00±0,00	0,00	0,00	85,00±0,00	0,00	0,00	84,00
K34	79,00±0,00	0,00	0,00	77,00±0,00	0,00	0,00	78,00±0,00	0,00	0,00	78,00
K35	78,00±0,00	0,00	0,00	78,67±0,33	0,58	0,73	77,00±0,00	0,00	0,00	77,89
K36	77,00±0,00	0,00	0,00	76,00±0,00	0,00	0,00	76,00±0,00	0,00	0,00	76,33
K38	83,00±0,00	0,00	0,00	82,00±0,00	0,00	0,00	82,00±0,00	0,00	0,00	82,33
K39	81,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	80,00±0,00	0,00	0,00	80,33
	79,98			79,70			79,55			79,74
	Genotip			Lokalitet			Genotip × Lokalitet			
	$lsd_{0,05}$		0,67	$lsd_{0,05}$		0,26	$lsd_{0,05}$		1,16	
	$lsd_{0,01}$		0,89	$lsd_{0,01}$		0,34	$lsd_{0,01}$		1,54	

6.7.1. Analiza interakcije genotipova i spoljne sredine za ranostasnost po AMMI modelu

Analiza varijanse AMMI modela (tabela 39) pokazuje značajne razlike između genotipova, lokaliteta kao i njihove interakcija (genotip × lokalitet) kod ranostasnosti. 52,06% ukupne sume kvadrata odnosilo se na efekat genotipa (najmanja vrednost efekta genotipa u odnosu na sve ispitivane osobine). Suma kvadrata G × L veća je deset puta u odnosu na sumu kvadrata lokaliteta. Velika vrednost sume kvadrata genotipova označava diverzitet između genotipova i velike razlike između njihovih srednjih vrednosti, što dovodi do zaključka da je ovo uticalo na varijabilnost ranostasnosti. Zatim, na osnovu velike sume kvadrata interakcije možemo da dođemo do zaključka da su postojale značajne razlike između reakcije genotipova u različitim spoljašnjim uslovima. Rezultati pokazuju da su se izdvojile dve glavne komponente (PC1 i PC2) koje čine 100% sume kvadrata interakcije.

Tabela 39. Analiza varijanse AMMI modela za ranostasnost

Izvor varijacije	Stepeni slobode	Suma kvadrata	Suma kvadrata%	Sredina kvadrata	F vrednost
Genotip (G)	19	989,13	85,69	52,06	100,31 ^{**}
PON	6	2,83	0,25	0,47	0,91 ^{nz}
Lokalitet (L)	2	5,81	0,50	2,91	6,15 ^{**}
G × L	38	97,30	8,43	2,56	4,93 ^{**}
PC1 (62,4%)	20	60,71	62,40	3,04	5,85 ^{**}
PC2 (37,6%)	18	36,59	37,60	2,03	3,92 ^{**}
PC3 (0%)	16	0	0	0	0
Greška	114	59,17	5,13	0,52	
Ukupno	179	1.154,24	100,00		



Grafikon 24. AMMI 2 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu ranostasnost

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

Na grafikonu 24 prikazan je odnos prve i druge glavne komponente - grafički je prikazana interakcija $G \times L$. Nahar (1997) i Deb i Khaleque (2004) ukazuju u svojim eksperimentima da je interakcija genotipova i spoljnih uticaja bila značajna za sve ispitivane osobine, i da značajna $G \times L$ interakcija navodi da je spoljni uticaj u interakciji sa genotipovima.

Na osnovu grafikona 24 ali i na osnovu vrednosti ASV prikazanih u tabeli 40 može se zaključiti da je najmanje stabilan lokalitet Kusadak, tj. koeficijent stabilnosti AMMI modela je najmanji po rangui. S druge strane, najstabilniji lokalitet koji je imao najmanju ASV vrednost (1,60) je Vranovo. Ovaj lokalitet je jedini imao u prvoj dekadi

jula meseca padavine (5mm) što je rezultiralo najmanjim variranjem u okviru ove osobine, s obzirom da je faza cvetanja bila u ovom periodu.

Najstabilnije rezultate za ranostasnost na lokalitetu Smederevska Palanka imali su genotipovi K36, K38 i K39. Ovi genotipovi su se pokazali stabilnim i na ostalim lokalitetima što je u skladu sa tabelom 41, gde su ASV vrednosti za ova tri genotipa bile 0,39 i rangom 2, 3 i 4. Na lokalitetu Kusadak, najstabilniji genotip bio je K1 sa najmanjom vrednošću AMMI koeficijenta (0,16) koji je ujedno bio i najranostasniji genotip analiziran u ovim ogledima. Pored njega uslovi u ovom lokalitetu su pogodovali i genotipovima K7, K8/1, K35. Najveća interakcija sa spoljnom sredinom je zabeležena kod genotipova K16 i K25 i njima su najviše odgovarali uslovi sredine lokaliteta Vranovo. Kod genotipova K38 i K39 koji su kasnijeg roka sazrevanja, ispoljila se velika adaptabilnost.

Tabela 40. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za tri lokaliteta za osobinu ranostasnost

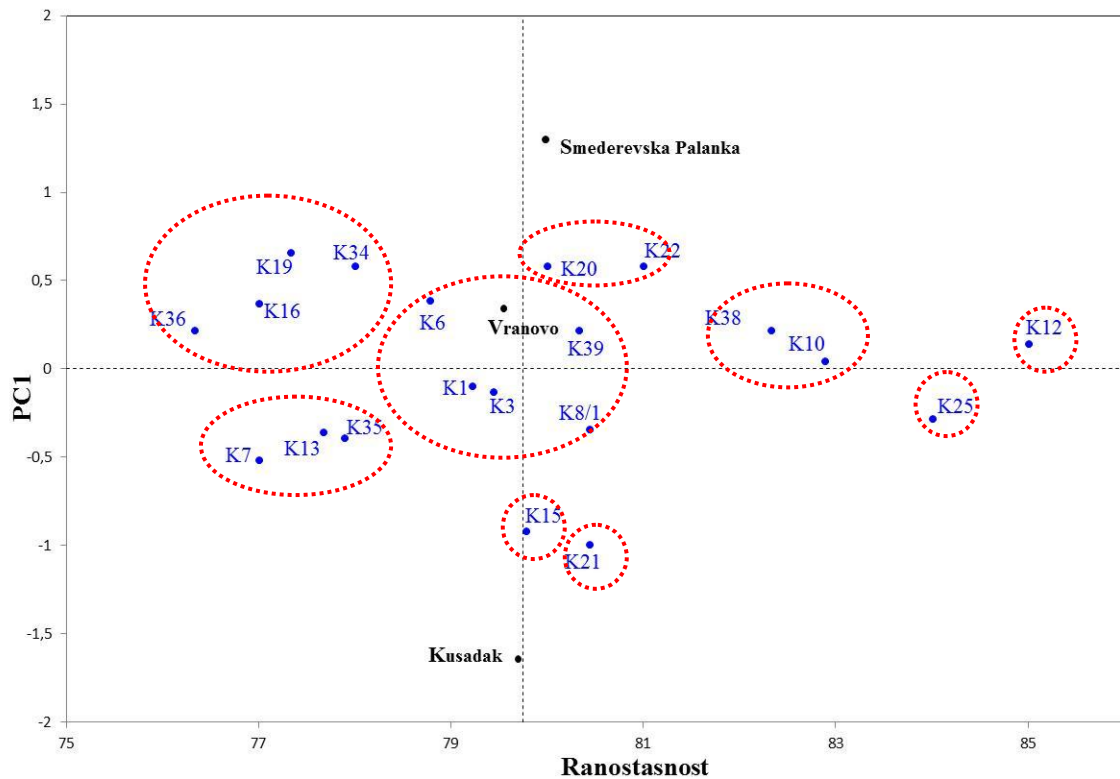
Redni broj	Genotip	Ranostasnost		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	Kusadak	79,70	2	-1,6418	0,4855	2,77	3
2	Smederevska Palanka	79,98	1	1,2981	1,0100	2,38	2
3	Vranovo	79,55	3	0,3437	-1,4955	1,60	1

Tabela 41. Srednja vrednost, koeficijent AMMI stabilnosti i rangovi za 20 genotipova za osobinu ranostasnost

Redni broj	Genotip	Ranostasnost		PC1	PC2	ASV	
		Srednja vrednost	Rang			Vrednost	Rang
1	K1	79,22	12	-0,0958	-0,0034	0,16	1
2	K3	79,44	11	-0,1269	0,8067	0,83	11
3	K6	78,78	13	0,3908	-0,1888	0,68	8
4	K7	77,00	18	-0,5117	0,4211	0,95	13
5	K8/1	80,44	6	-0,3391	0,0892	0,57	6
6	K10	82,89	3	0,0457	0,4748	0,48	5
7	K12	85,00	1	0,1419	0,5712	0,62	7
8	K13	77,67	16	-0,3589	-0,4354	0,74	9
9	K15	79,78	10	-0,9162	-0,4892	1,60	19
10	K16	77,00	19	0,3711	-0,7134	0,94	12
11	K19	77,33	17	0,6596	-0,4242	1,17	18
12	K20	80,00	9	0,5832	0,0040	0,97	14
13	K21	80,44	7	-0,9926	-0,0609	1,65	20
14	K22	81,00	5	0,5832	0,0040	0,97	15
15	K25	84,00	2	-0,2825	-0,8636	0,98	17
16	K34	78,00	14	0,5832	0,0040	0,97	16
17	K35	77,89	15	-0,3900	0,3747	0,75	10
18	K36	76,33	20	0,2183	0,1430	0,39	2
19	K38	82,33	4	0,2183	0,1430	0,39	3
20	K39	80,33	8	0,2183	0,1430	0,39	4

Odnos prosečne vrednosti svojstva i prve glavne komponente, kao i grupisanje genotipova i lokaliteta prikazano je na AMMI 1 biplotu (grafikon 25).

Genotipovi su grupisani u nekoliko grupa u odnosu na vrednosti prve glavne komponente i prosečne vrednosti ranostasnosti. Pozitivna vrednost prve glavne komponente i najviše prosečne vrednosti osobine u odnosu na ukupan prosek zabeležene su kod genotipova K12, K10, K20, K22, K38. U preostala dva lokaliteta uočena je ispod prosečna vrednost za ranostasnost, s tim što je Vranovo imao pozitivnu vrednost PC1, a Kusadak negativnu i nalazio se u donjem levom kvadrantu. Na grafikonu 25 izdvojilo se 4 genotipova sa najvećom stabilnošću od kojih dva sa iznad prosečnom vrednošću za ranostasnost (K8/1 i K39) i dva sa vrednostima ispod proseka (K1, K3). Genotipovi K12, i K25 imali su najduži period od nicanja do cvetanja i bili su vrlo stabilni. Genotipovima K15 i K21 sa negativnom PC1 i iznad prosečnom vrednošću, pogodovali su uslovi sredine lokaliteta Kusadak. Genotip K36 je bio najranostasniji, izdvojio se u gornjem levom kvadrantu, gde se izdvojio i lokalitet Vranovo pa tako zaključujemo da je on imao pozitivnu interakciju.



Grafikon 25. AMMI 1 biplot za 20 genotipova plavog patlidžana na tri lokaliteta za osobinu ranostasnost

Legenda: Lokaliteti: Smederevska Palanka, Kusadak, Vranovo; Genotipovi: K1, K3, K6, K7, K8/1, K10, K12, K13, K15, K16, K19, K20, K21, K22, K25, K34, K35, K36, K38, K39.

6.8. Polimorfizam na osnovu RAPD analize

Prednosti RAPD tehnike su jednostavnost i brzina, međutim ona je osetljiva na male promene eksperimentalnih uslova, koji moraju biti strogo kontrolisani da bi se dobili reproducibilni rezultati. Činjenica da se nalaze u nekodirajućim delovima genoma omogućava ovoj tehnici da otkrije visok nivo polimorfizma i unutar i između vrsta (Williams i sar., 1990). Primenjeni dominantni markeri kao što su RAPD i AFLP su se

pokazali kao podesni za proučavanje genetičkog diverziteta kod *S. melongena* (Mace i sar., 1999). RAPD markeri su posebno pogodni za korišćenje kod manje poznatih i analiziranih vrsta, kao što je plavi patlidžan, jer mogu biti primenjeni bez prethodnog poznavanja DNK sekvence (Demir i sar., 2010). U Institutu za povrtarstvo RAPD markeri su korišćeni za dokazivanje genetičke stabilnosti regeneranata dobijenih sekundarnom somatskom embriogenezom kod karfiola i kupusa (Pavlović, 2015).

Tabela 42. Broj traka detektovanih nakon amplifikacije sa 10 RAPD prajmera kod 20 genotipova plavog patlidžana i procenat polimorfnih traka

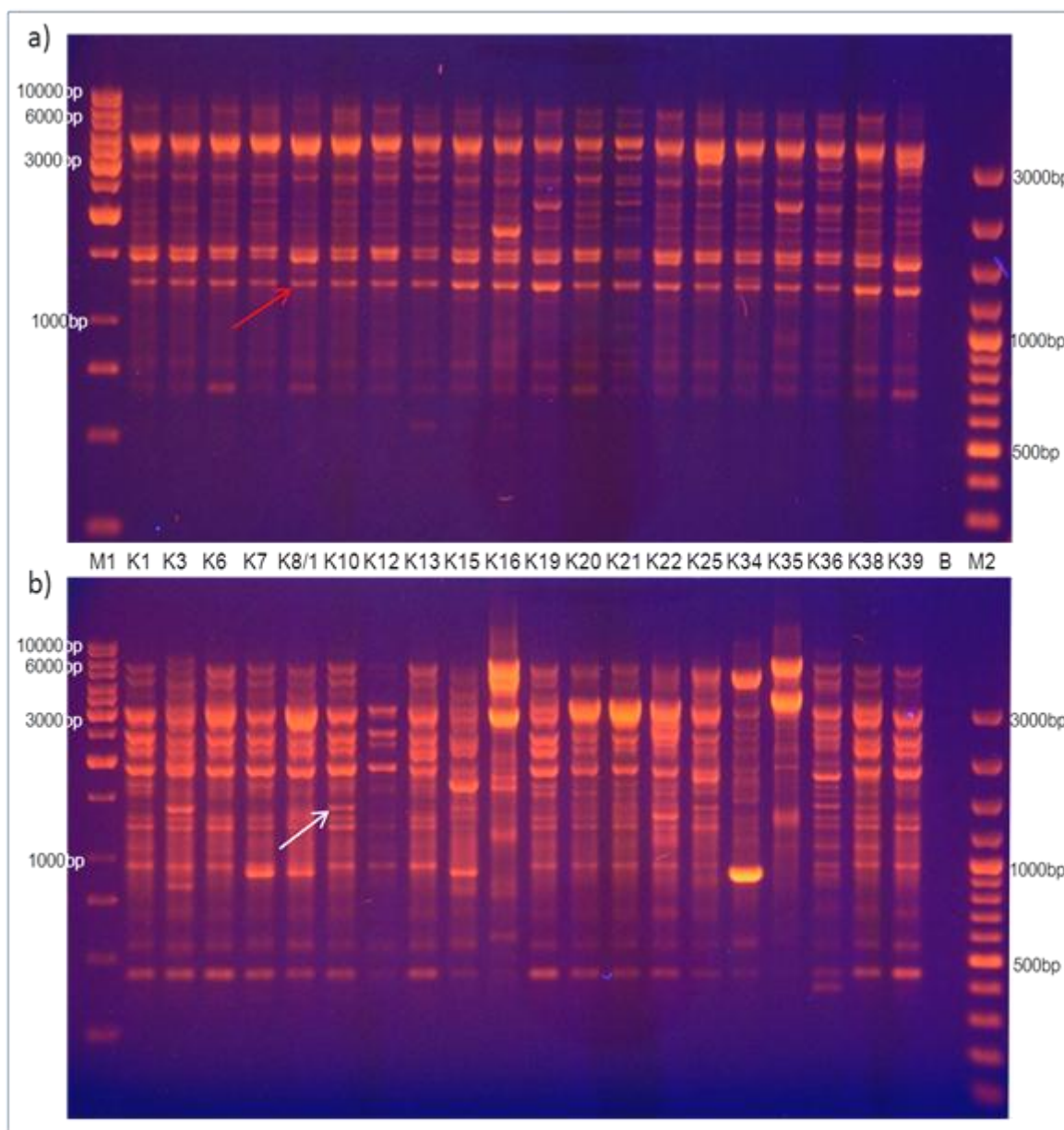
Prajmer	Dužina fragmenata (bp)	Broj traka	Broj polimorfnih traka (%)
OPH-02	900-5000	17	10 (58,82)
OPB-07	400-6000	18	8 (44,44)
OPF-02	800-4000	19	14 (73,68)
OPF-03	750-5000	18	5 (27,78)
OPF-04	650-8000	13	8 (61,54)
OPC-05	900-5000	14	8 (57,14)
OPC-09	1000-5000	12	5 (41,67)
OPC-14	700-7000	20	7 (35,00)
OPB-01	800-9000	17	8 (47,06)
OPAF-16	550-8000	24	17 (70,83)
Ukupno		172	90 (52,33)

Ukupan broj detektovanih traka je iznosio 172, od čega je 90 traka bilo polimorfno (52,33%), a 82 monomorfno (47,67%) (Tabela 42). Najviši polimorfizam je konstatovan prilikom korišćenja OPAF-16 prajmera (70,83%). Nešto veći stepen polimorfizma od 72,7% detektovan je prilikom analize 24 populacija iz različitih regiona

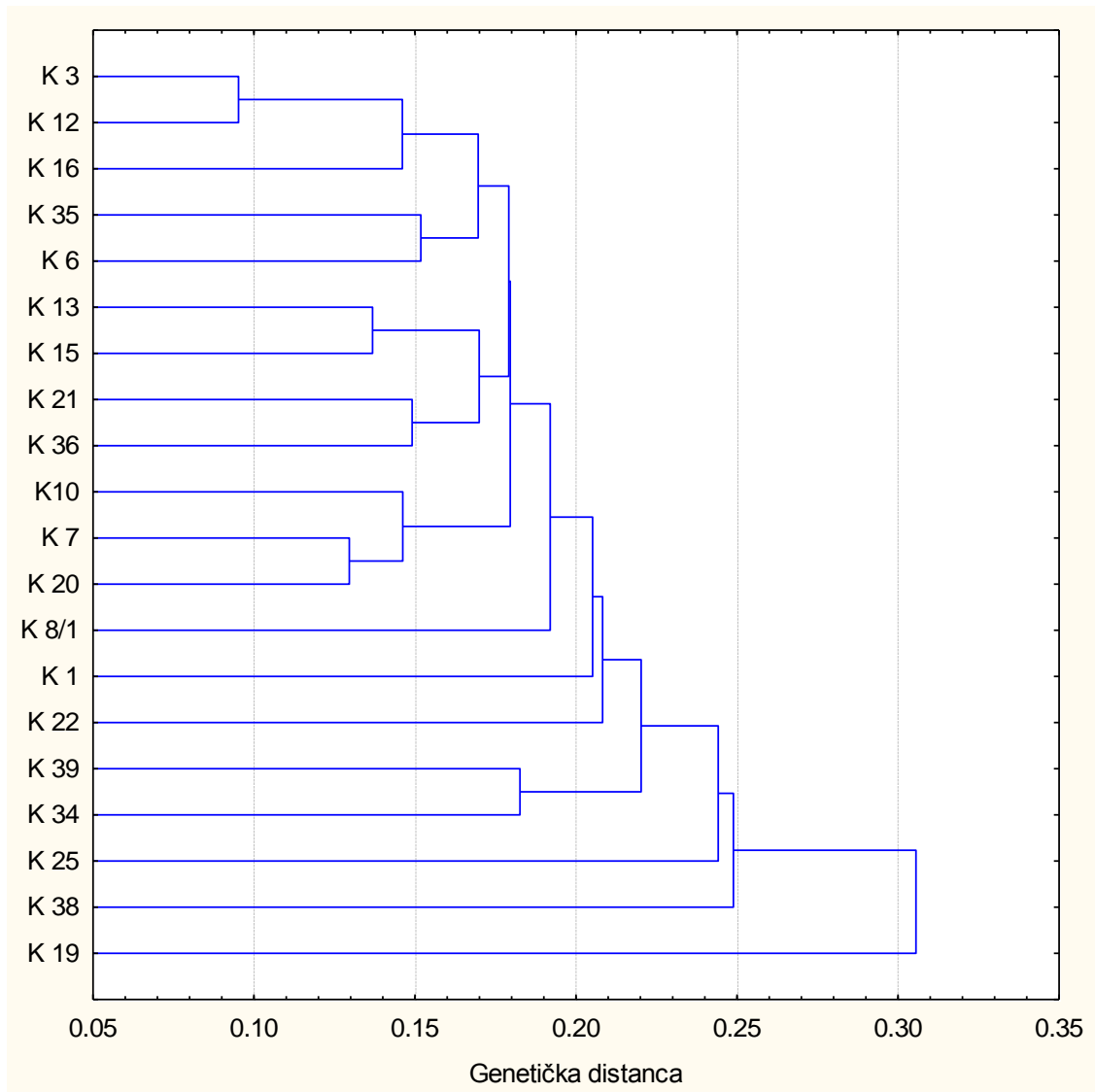
Nigerije (Sifau i sar., 2014), dok je u drugim radovima taj stepen polimorfizma bio niži u odnosu na naš. Demir i sar. (2010) su RAPD analizom 19 populacija plavog patlidžana iz Turske dobili 29% polimorfni traka, dok je nešto viši nivo polimorfizma (31,81%) detektovan u radu Singh i sar. (2006) na 28 lokalnih populacija iz Indije. Tiwari i sar. (2009) su analizirajući 19 populacija plavog patlidžana iz Indije korišćenjem 29 RAPD prajmera detektovali 27.5% polimorfni traka.

Broj detektovanih traka je bio od 13 (OPF-04) do 24 (OPAF-16), dok je prosečan broj traka po prajmeru iznosio 17,2. Dužine amplifikovanih fragmenata su bile u rasponu od 400 do 9000 bp. U nekim drugim radovima prosečan broj fragmenata po prajmeru bio je manji. U radu Demir i sar. (2010) urađena je procena genetičkog diverziteta sa 11 prajmera i prosečan broj traka je iznosio 9,1 po prajmeru, dok su Singh i sar. (2006) dobili 10,3 traka po prajmeru.

Profil traka dobijen korišćenjem OPC-14 i OPB-07 RAPD prajmera je prikazan na slici 4.



Slika 4. RAPD PCR profil dobijen korišćenjem OPC-14 (a) i OPB-07 (b) prajmera kod 20 genotipova plavog patlidžana. B: blank; K1-K39: genotipovi plavog patlidžana; M1: DNK standard (1kb DNA ladder, Fermentas); M2: DNK standard (100 bp DNA ladder Plus, Fermentas); crvena strelica: nepolimorfna traka; bela strelica: polimorfna traka.



Grafikon 26 . Dendrogram 20 genotipova plavog patlidžana analiziranih pomoću RAPD markera, dobijen UPGMA klaster metodom na osnovu genetičkih distanci izračunatih po Jaccard-u.

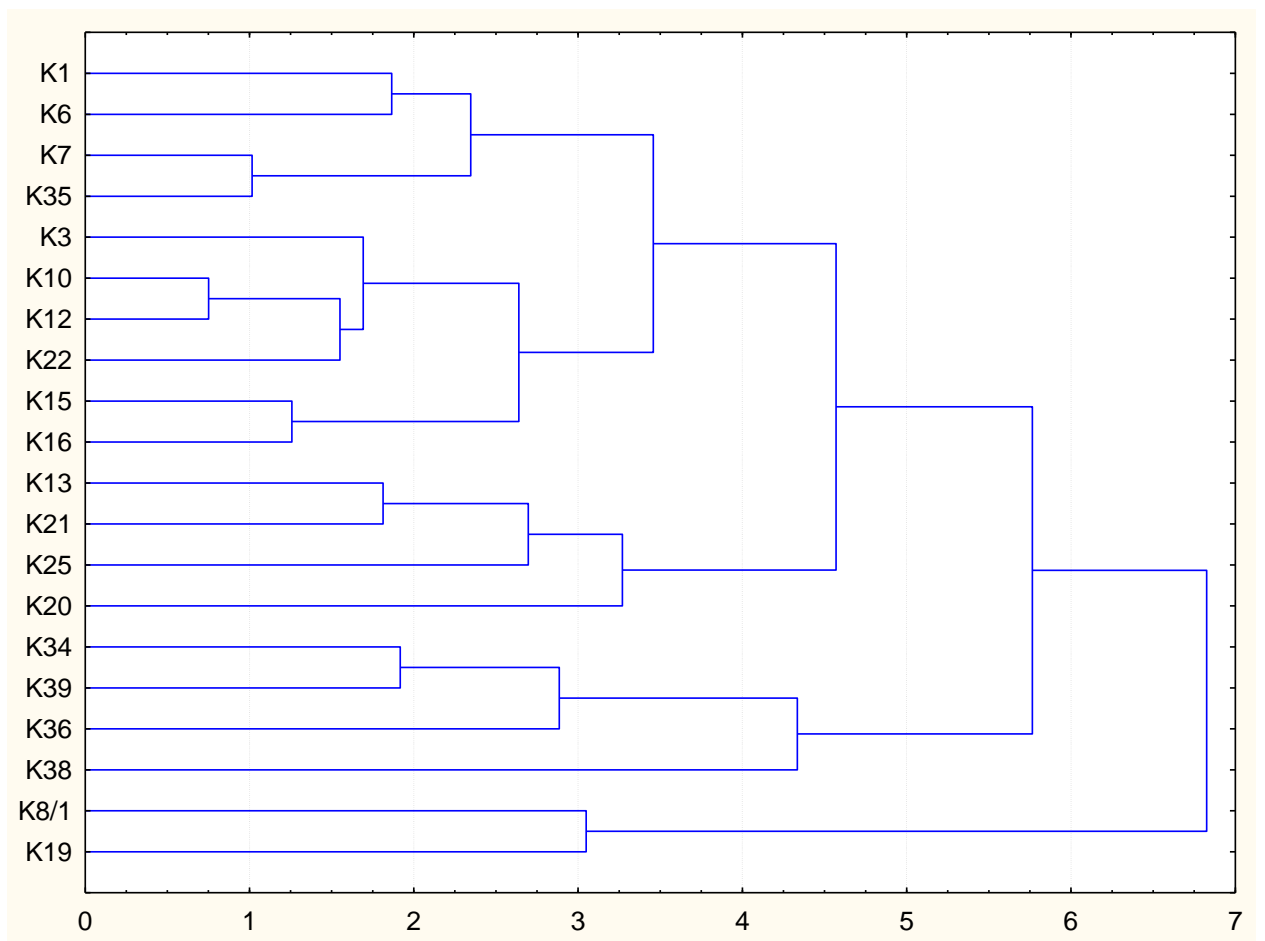
Na osnovu prisustva/odsustva RAPD traka između 16 lokalnih i 4 stranih genotipova izračunati su koeficijenti genetičke distance po Jaccard-u (1908). Na osnovu matrice genetičkih distanci i pomoću UPGMA metode urađena je klaster analiza i

rezultati su predstavljeni u formi dendrograma (grafikon 26). Svih 16 lokalnih i 4 introdukovanih genotipova grupisalo se u devet grupa (klastera). Populacije K1, K8/1, K19, K22, K25 i K38 i predstavljaju genotipove koji su se odvojile od ostalih i formirali su pojedinačne (single) grupe.

Najniža vrednost izračunate genetičke distance iznosila je 0,095, a dobijena je između domaćih srednjestasnih genotipova K13 i K12. I sa morfološke strane ova dva genotipa su pokazala sličnost u pogledu oblika i boje. Oba su bila kruškolikog izgleda sa tamnoljubičastom bojom. S druge strane, najveća vrednost genetičke distance (0,35) izračunata je između genotipova koji su stranog porekla K19 i K25. Morfološke karakteristike su pokazale da genotip K19 karakteriše izrazito kruškolik oblik, obrazuje mali broj plodova po biljci, sa plodom koji je gladak i tamnoljubičaste boje. Kod genotipa K25 uočen je ovalan oblik ploda koji je manje veličine, a boja je ljubičasta sa sjajem. Sledeća dva genetički međusobno najudaljenija genotipa su K19 i K34 (0,34%) i K19 i K38 (0,34%). Genotip K34 odlikuje se izrazito krupnim, izduženo ovalnim plodom sa svetloljubičastim sjajem, dok genotip K38 ima dugačke i izdužene plodove koji su povijeni i karakteriše ga veliki broj plodova po biljci. Boja ploda mu je smeđe ljubičasta, a meso nežno i bledožućkasto. Niže vrednosti genetičke distance od 0-0,25 dobijene su prilikom analize turskih populacija (Demir i sar., 2010), dok je proučavanje lokalnih populacija iz različitih regiona Nigerije pokazalo genetičku distancu 0,06-0,26 (Sifau i sar., 2014). Proučavanje populacije iz Indije su davala oprečne rezultate. Dok su Tiwari i sar. (2009) proučavajući 15 populacija dobili niske vrednosti genetičke distance 0,05-0,15, više vrednosti i do 0,82 koje ukazuju na visoku varijabilnost dobili su Sing i sar. (2006).

Različite vrednosti polimorfizma, prosečnog broja traka po prajmeru i genetičke sličnosti koje su dobijene u istraživanjima različitih lokalnih populacija RAPD markerima, mogu se objasniti sa nekoliko faktora. Sama RAPD metoda je veoma osetljiva i rezultati zavise od laboratorijskih uslova. Priroda i poreklo, kao i genomski

region obuhvaćen marker analizom u velikoj meri utiču na rezultate (Molini i sar., 2013). Broj analiziranih uzoraka, u kombinaciji sa genetičkom raznovrsnošću, može takođe uticati na navedena parametre. Analiziranih 20 genotipova iz banke gena Instituta za povrtarstvo pokazale su relativno visok nivo polimorfizma, broja traka po prajmeru, što se dodatno može objasniti odabirom deset RAPD prajmera za analizu koje je karakterisala visok stepen polimorfnosti.



Grafikon 27. Dendrogram 20 genotipova plavog patlidžana za sedam osobina i tri lokaliteta

Na grafikonu 27 možemo da vidimo da je rezultat grupisanja prosečnih vrednosti sedam morfoloških osobina na tri lokaliteta po sličnosti, 20 genotipova plavog patlidžana podelio u 5 klastera. Genotipovi K8/1 i K19 su se izdvojili po

morfološkim karakteristikama, pošto su formirali pojedinačne klastere na osnovu genetičke distance, ovi genotipovi se mogu iskoristiti kao divergentan genetički materijal za dalja ukrštanja. Genotipovi K12 i K13 imaju najmanju genetičku distancu a ujedno i najmanju udaljenost na osnovu morfoloških osobina, tako da ova dva genotipa treba isključiti kao potencijalno početni materijal za dalju selekciju. Genotipovi K1, K22, K25 i K38 koji su formirali pojedinačne (singl) klastere prilikom genetičkih analiza, su se takođe svrstali u različite klastere na osnovu morfoloških karakteristika, a pošto su genetički različiti, predstavljaju dobar početni genetički materijal za ukrštanje sa drugim genotipovima u okviru istog klastera dobijenog na osnovu morfološkog klastera.

7. ZAKLJUČAK

Na osnovu ovih istraživanja mogu se izvući sledeći zaključci:

Statistička metoda ANOVA je utvrdila značajnost svih ispitivanih faktora (genotip, lokalitet i interakcija genotip \times lokalitet) za sve posmatrane osobine osobine (prinos po biljci, težina ploda, dužina ploda, širina ploda, broj plodova po biljci, visina biljke i ranostasnost).

Varijabilnost genotipova plavog patlidžana je utvrđena na osnovu sedam morfoloških karakteristika na tri lokaliteta. Najveća varijabilnost za prinos po biljci zabeležena je kod kod genotipa K6 na lokalitetu Smederevska Palanka. Za težinu ploda Cv je bio najveći kod genotipa K10 na lokalitetu Smederevska Palanka. Genotip K19 je imao najveću prosečnu težinu ploda (617,67 gr) koja je bila iznad opšteg proseka. Najveći koeficijent varijabilnosti za broj plodova po biljci je zabeležen kod genotipa K10 na lokalitetu Kusadak. Kod genotipa K39 najveća varijabilnost za dužinu ploda je bila na lokalitetu Smederevska Palanka. Na lokalitetu Kusadak najveći koeficijent varijabilnosti (4,95%) zabeležen je kod genotipa K8/1 za širinu ploda. Za visinu biljke koeficijent varijacije se kretao u intervalu od 0,25% (K21) do 4,15% (K34) na lokalitetu Smederevska Palanka. Najveći Cv kod ranostasnosti je bio kod genotipa K16 na lokalitetu Kusadak.

Pravilno sagledavanje adaptabilnosti i stabilnosti genotipa moguće je primenom AMMI modela. AMMI analiza pruža mogućnost istraživačima da izvrše pravilnu procenu faktora genotipa u odnosu na lokalitet sa ciljem da se odaberu najstabilniji genotipovi plavog patlidžana. Sa oplemenjivačke strane na osnovu analize varijanse formirala se slika o stabilnosti posmatranih osobina na sva tri lokaliteta i izdvojili su se

stabilni genotipovi koji će poslužiti za izbor dobrog početnog materijala za proces selekcije.

Za sve analizirane osobine u ovom eksperimentu na osnovu analize varijanse (AMMI) postojale su značajne razlike između genotipova, lokaliteta i njihovih interakcija. Najveća suma kvadrata odnosila se na efekat genotipa i to za sve osobine, a najveća vrednost je bila kod osobine širina ploda i iznosila je 91,78%, što znači da je bila veoma izražena divergentnost između posmatranih genotipova. Najveća suma kvadrata (6,36%) koja se odnosila na efekat lokaliteta u odnosu na ostale osobine zabeležena je kod osobine težina ploda. Suma kvadrata interakcije genotip \times spoljna sredina bila je najveća kod osobine dužina ploda i iznosila je 19,20%.

Na osnovu AMMI biplota izdvojio se najstabilniji lokalitet (Smederevska Palanka) za sledeće osobine: prinos po biljci, težina ploda, dužina ploda, širina ploda i broj plodova po biljci. Lokalitet Smederevska Palanka je imao najveću količinu padavina u avgustu i septembru, te se može zaključiti da su spoljni uslovi uticali na dobijanje stabilnih rezultata za prinos po biljci. Ravnomerna količina padavina i dobre prosečne temperature na istom lokalitetu pogodovale su genotipovima da imaju najmanje variranje za težinu ploda. Najstabilniji lokalitet za ranostasnost je Vranovo, jer prosečna temperatura i količine padavina u prvoj dekadi jula su pogodovale genotipovima, s obzirom da je faza cvetanja bila u ovom periodu. Za visinu biljke i ranostasnost najstabilniji lokalitet je Vranovo. Najnestabilniji lokalitet za sve osobine je bio lokalitet Kusadak.

Najstabilniji genotip je bio K36 za osobinu prinos po biljci i to na lokalitetu Smederevska Palanka. Na lokalitetu Kusadak najstabilnije rezultate imao je genotip K38. Genotip K34 se izdvojio kao najprinosniji genotip.

Najstabilniji genotip za težinu ploda je K36 sa najmanjim koeficijentom AMMI stabilnosti, što znači da je zabeležen najniži nivo interakcije genotip \times lokalitet.

Stabilnost su pokazali i genotipovi K19, K34 i K36 na sva tri lokaliteta, a odlikuju se i najvećom težinom.

Na lokalitetu Kusadak najstabilniji genotip je K6 za broj plodova po biljci. Najveću stabilnost ispoljili su genotipovi K8/1, K25 i K35 na lokalitetu Smederevska Palanka. Najveći broj plodova po biljci imaju genotipovi K7, K13, K15 i K19.

Najstabilnije rezultate za dužinu ploda na lokalitetu Kusadak imali su genotipovi K3, K10 i K38 u Vranovu K1, K6, K7, K8/1 i K36, a u Smederevskoj Palanci K13, K34 i K35.

Genotip K12 je imao najveću širinu ploda i bio je najstabilniji na lokalitetu Smederevska Palanka. Za osobinu visina biljke najstabilniji genotipovi su K8/1, K34 i K15 na lokalitetu Vranovo.

Najranostasniji genotip je K36 (77 dana), koji je bio u pozitivnoj interakciji sa lokalitetom Vranovo. Najstabilnije rezultate pokazali su genotipovi K36, K38 i K39, a pokazali su adaptabilnost na sva tri lokaliteta.

Na osnovu RAPD analize utvrđena je genetička varijabilnost i visok nivo polimorfizma (broj traka po prajmeru) između 20 genotipova (16 lokalnih i 4 stranog porekla) plavog patlidžana. Najviši polimorfizam je konstatovan prilikom korišćenja OPAF -16 prajmera (70,83%). Broj detektovanih traka bio je 13 (OPF-04) do 24 (OPAF -16) i prosečan broj traka po prajmeru je 17,2.

Pomoću UPGM metode urađena je klaster analiza (dendrogram). Svih 16 lokalnih genotipova i 4 stranog porekla grupisalo se u devet klastera. Genotipovi K1, K8/1, K19, K22, K25 i K38 odvojili su se od ostalih i formirali pojedinačne (single) grupe. Genetički najudaljeniji genotipovi su K19 i K34 (0,34%) i K19 i K38 (0,34%).

Na osnovu grupisanja prosečnih vrednosti morfoloških karakteristika na tri lokaliteta po sličnosti izdvojilo se pet klastera. Genotipovi K8/1 i K19 su se grupisali po morfološkim karakteristikama, i formirali pojedinačne klastere na osnovu genetičke

distance. Ovi genotipovi mogu poslužiti kao početni divergentan genetički materijal za proces selekcije. Genotipovi K1, K22, K25 i K38 su se takođe svrstali u različite klastere na osnovu morfoloških karakteristika i predstavljaju potencijalno dobar materijal za ukrštanje sa drugim genotipovima u okviru istog klastera na osnovu morfoloških klastera. Na ovaj način bi se moglo pristupiti izboru divergentnih roditelja za ukrštanja, što predstavlja jedan od ciljeva ovog eksperimenta.

8. LITERATURA

- Adunga W., Labushange M.T. (2002):** Genotype-environment interactions and phenotypic stability analysis of linseed in Ethiopia. *Plant Breeding*, 121,66-71.
- Adžić S. (2015):** Regulacija ekspresije gena cvetanja primenom vernalizacije kod kupusa (*Brassica oleracea var.capitata* L.). Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet-Zemun, Univerzitet u Beogradu.
- Agrama H.A., Houssin S.F., Tarek M.A. (2002):** Cloning of AFLP markers linked to resistance to Peronosclerospora sorghi in maize. *Mol Genet Genomics* 267: 814–819.
- Agwanda C.O., Lashermes P., Trouslot P., Combes M.C., Charrier A. (1997):** Identification of RAPD markers for resistance to coffee berry disease, *Colletotrichum kahawae*, in Arabica coffee. *Euphytica* 97: 241-248.
- Akcura M., Kaya Y. (2008):** Nonparametric stability methods for interpreting genotype by environment interaction of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.): *Genetics and Molekular biology* 31: 906-913.
- Anand G., Subraman N., Gopakumar B. (2006):** AMMI analysis for fruit yield stability of Chilli (*Capsicum annum* L.). *Journal of Plantation Crops*, 34(3):239-242.
- Annicchiarico P. (1997):** Joint regression vs.AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica*, 94, 53-62.
- Annacchiarico P. (2002):** Genotype x environment interaction, challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendation. Rome. Food and Agriculture Organization of the Unites Nations. pp.105.

- Aryana I.G.P.M. (2009):** Adaptation and yield stability of red rice line in three growing environments. *J Argon Indonesia*. 37(2): 95-100.
- Ayad W.G., Hodgkin J., Jaradat A., Rao V.R. (1995):** Molecular gene techniques for plant genetic resources. Report of an IPGRI WC 9-11 October, Rome, Italy.
- Ayers N.M., McClung A.M., Larkin P.D., Bligh H.F.J., Jones C.A., Park W.D. (1997):** Microsatellites and a single nucleotide polymorphism differentiate apparent amylose classes in an extended pedigree of US rice germplasm. *Theor Appl Genet* 94: 773–781.
- Babić V., Babić M., Ivanović M., Kraljević-Balalić M., Dimitrijević M. (2010):** Understanding and utilization of genotype-by-environment interaction in maize breeding. *Genetika* 42(1): 79-90.
- Balalić I. (2010):** Multivarijaciona analiza uticaja interakcije hibrida i rokova setve na sadržaj ulja, prinos i komponente prinosa suncokreta. Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- 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.
- Bartlett J.M., Stirling D. (2003):** A Short History of the Polymerase Chain Reaction. *PCR protocols* 226: 3-6.
- Becker H.C., Leon J. (1988):** Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101.1-23.
- Benet M.D., Leitch I.J. (2004):** Plant DNA C-values database (release 3.0) http://www.rbgekew.org.uk/c_vol/homepage.html
- Bhaduri S. (1951):** Inter-relationship of the tuberiferous species of *Solanum* with some consideration on the origin brinjal (*Solanum melongena* L.). *Indian J Genet Plant Breed* 11:75-82.

- Bindler G., Van der Hoeven R., Gunduz I., Plieske J., Ganai M., Rossi L., Gadani F., Donini P. (2007):** A microsatellite marker based linkage map of tobacco. *Theor Appl Genet* 114: 341-349.
- Borgato L., Conicella C., Pisani F., Furini A. (2007):** Production and characterization of arboreous and fertile *Solanum melongena* and *Solanum marginatum* somatic fertile hybrid plants. *Planta* 226: 961-969.
- Brown A.H.D. (1979):** Enzyme polymorphism in plant population. *Theor Pop Biol* 15: 1-42.
- Caguiat X.G.I., Hautea D.M. (2014):** Genetic diversity analysis of eggplant (*Solanum melongena* L.) and related wild species in the philippines using morphological and SSR markers. *SABRAO J Breed Genet* 46: 183-201.
- Cao G., Sofic E., Prior, R. (1996):** Antioxidant capacity of tea and common vegetables. *J. Agric. Food Chem.* 44(11): 3426-3431.
- Ceccareli S. (1994):** Specific adaptation and breeding for marginal contitions. *Euphytica*, 77, 205-219.
- Chadha M.L., Hegde R.K. (1987):** Graphic analysis of some agronomic characters in brinjal. *Ind. Jour. of Horg.* 44(3-4):220-225.
- Chaudhary K.R., Wu J. (2012):** Stability analysis for yield and seed quality of soybean [*Glycine max* (L.) Merril] across different environments in Eastern South Dakota. *Proceedings of 24th Annual Conference on Applied Statistics in Agriculture*, 29 April, Kansas State University, Paper 11.
- Chen N.(2009):** AVRDC. Training Guide, Eggplant Seed Production. <http://www.avrdc.org/LC/eggplantseed.pdf>
- Colonier C., Fock I., Kashyap V., Rotino G.L., Daunay M.C., Lian Y., Mariska I.K., Rajam M.V., Servaes A., Ducreux G., Sihachakr D. (2001):** Applications of biotechnology in eggplant. *Plant Cell.Tiss.Org.Cult* 65(2): 91-107.

Cooper M., Hammer G.L. (1996): Synthesis of strategies for crop improvement. In: Cooper M., Hammer G.L. (eds) Plant Adaptation and Crop Improvement. CAB International Wallingford. UK. pp. 591-623.

CPVO-http://www.cpvo.europa.eu/documents/TP/vegetales/TP-117-solanum_melongena.pdf

Crossa J., Gauch H.G., Zobel R.W. (1990): Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international mainze cultivar trials. *Crop. Sci.* 30, 493-500.

D`Arcy W.G., Pickett K. (1991): Salt water floatation of *Solanum* fruits and possible dispersal of eggplant. *Solanaceae News* 3:311.

Damnjanović J. (1999): Nasleđivanje kvantitativnih osobina u F₁ generaciji dialelnih hibrida plavog patlidžana (*Solanum melongena* L.). Magistarska teza. Poljoprivredni fakultet-Zemun, Univerzitet u Beogradu.

Damnjanovic J., Zecevic B., Stevanovic D., Prodanovic S. (2002): Inheritance of yield components in diallel crossing of divergent genotypes of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Acta Horticulturae*, 579/1, 197-201.

Daunay M.C., Lester R.N., Laterrot H. (1991): The use of wild species for the genetic improvement of eggplant (*Solanum melongena*) and tomato (*Lycopersicon esculentum*). In: Hawkes J.G., Lester R.N., Estrada N. (ed) *Solanaceae III: Taxonomy-Chemistry-Evaluation*, vol. 3:389-412.

Daunay M.C., Lester R.N., Ano G. (2001a): Eggplant In: Charrier A., Jacquot M., Hamon S., Nicolas D. (eds), *Tropical plant breeding*, 199-222.

Daunay M.C., Lester R.N., Gebhardt C., Hennart J.W., Jahn M., Frary A., Doganlar S. (2001b): Genetic resources of eggplant (*Solanum melongena* L.) and allied species: a new challenge for molecular geneticist and eggplant breeders. In: van den Berg R.G., Barendse G.W.M., van der Weerden G.M., Mariani C (eds) *Solanaceae V. Advances in*

Taxonomy and Utilization. Nijmegen University Press, Nijmegen, The Netherlands, pp 251-274.

Deb A.C., Khaleque M.A. (2004): Study of genetic diversity of some of the yield contributing characters in chickpea (*Cicer arietinum* L.). J. Sci. Foundation, 2: 77-82.

Demir K., Bakır M., Sarıkamış G., Acunalp S. (2010): Genetic diversity of eggplant (*Solanum melongena*) germplasm from Turkey assessed by SSR and RAPD markers. Genet Mol Res 9: 1568-1576.

Dharme G., Hiremath K.G., Goud J.V. (1979): Genic analysis yield and its components in brinjal (*Solanum melongena* L.). Mysore Jour of Agric Sci. 13(2): 151-155.

Dice L.R. (1945): Measures of the amount of ecologic association between species. Ecology 26:297-302.

Dimitrijević M., Knežević D., Petrović S., Zečević V., Bošković J., Belić, Pejić B., Banjac B. (2011): Stability of yield components in wheat (*Triticum aestivum* L.) Genetika, vol. 43, No.1,29-39.

Ding M., Tier B., Yan W. (2007): Application of GGE Biplot Analysis to Evaluate Genotype Environment and GxE interaction on *P. radiata*. A. Case Stydi.

Dixon A.G.O., Asiedu R., Hahn S.K. (1991): Genotypic stability: analytical breeding for low-input agriculture. In Tropical Root Crops in Developing Economy. Proceedings of the Ninth International Society of Tropical Crops, 1991, Accra, Ghana.

Doganlar S., Frary A., Daunay C., Lester N., Tanskley S. (2002a): A comparative genetic linkage map of eggplant (*Solanum melongena* L.) and its implication for genome evolution in the *Solanaceae*. Genetics 161: 1697-1711.

Doshi K.M., Shukla P.T. (2000): Expression of heterosis in chilli (*Capsicum annuum* L.). Capsicum and Egg Plant Newsletter. 19:66-69.

Đorđević M., Damjanović J., Zečević B., Đorđević R. (2010): Biološko suzbijanje fuzarioznog uvenuća kod plavog paradajza u *in vitro* uslovima; XV Savetovanje o biotehnologiji, Zbornik radova, Vol 15(16): 449 - 454

Đorđević R., Zečević B., Zdravković J., Živanović T. and Todorović G. (2010): Inheritance of yield components in tomato. *Genetika*, 42 (3): 575–583.

Ebdon J.S., Gauch H.G. (2002): Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials. II cultivar recommendations. *Crop Sci.* 42:497-506.

Eberhart S.A., Russell W.A. (1966): Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40.

EGGNET <http://www.bgard.science.ru.nl/eggnet/eggnet01.html>

Falconer D.S., Mackay F.C. (1996): Introduction to Quantitative Genetics. Fourth ed. Longman Group Ltd, England.

FAO (2010): FAO Statistički godišnjak 2011. Dostupno na <http://faostat.fao.org>.

FAOSTAT (2012): www.Fao.org „Major Food and Agricultural commodities and producers-Countries by commodity“.

Fick G.N., Miller J.E. (1997): Sunflower breeding. In: A.A. Schneiter (ed). Sunflower Technology and Production. ASA CSSA&SSSA, Medison, WI, 395-439.

Finlay By.K.W., Wilkinson G.N. (1963): The analysis of adaptation in a plant –breeding programme.

Flores F., Moreno M.T., Martinez A., Cubero J.I. (1996): Genotype-environment interaction in faba bean: comparison of AMMI and principal coordinate models. *Field Crops Research* 47(2-3): 117-127.

Fox P.N., Skovmand B.K., Braun H.J., Comier R. (1990): Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica* 47: 57-64.

- Francis T.R., Kannenberg L.W. (1978):** Yield stability studies in short-season mainze: I.A descriptive method for grouping genotypes. *Can J Plant Sci* 58, 1029-1034.
- Freeman G.H. (1985):** The analysis and interpretation of interaction. *Journal of Applied Statistics*, 12: 3-10.
- Frey K.J. (1975):** Heritability of groat protein percentage of hexaploid oats. *Crop. Sci.* 15. 277-279.
- Ganal M.W., Durstewitz G., Polley A., Bérard A., Buckler E.S., Charcosset A., Clarke J.D., Graner E.M., Hansen M., Joets J., Le Paslier M.C. (2011):** A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping array: development and germplasm genotyping, and genetic mapping to compare with the B73 reference genome. *PloS one* 6(12): e28334.
- Garcia E., Jamilena M., Alvarez J.I., Arnedo T., Oliver J.L., Lozano R. (1998):** Genetic relationships among melon breeding lines revealed by RAPD markers and agronomic traits. *Theor Appl Genet* 80: 833–84.
- Gauch H.G. (1988):** Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705-715.
- Gauch H.G. (1992):** Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier science publishers B.V., Amsterdam, The Netherlands.
- Gauch H.G., Zobel R.W. (1996):** AMMI Analysis of yield trials. In: M. S. Kang and H.G-Gauch (eds). *Genotype by Environment Interaction*. pp. 85-122.
- Ge H., Li H., Liu Y., Li X., Chen H. (2011):** Characterization of novel developed expressed sequence tag (EST)-derived simple sequence repeat (SSR) markers and their application in diversity analysis of eggplant. *Afr J Biotechnol* 10: 9023-9031.
- Gebhardt S., Thomas R.G. (2002):** Nutritive Value of Foods. U. S. Department of Agriculture, Agricultural Research servis.Home and Garden Bulletin.

- Gedif M. and Yigzaw D. (2014):** Genotype × environment interaction analysis for tuber yield of potato using a GGE biplot method in Amhara region, Ethiopia. *Potato J* 41(1): 41-51.
- Geric I., Zlokolica M., Geric C., Stuber C. (1989):** Races and populations of maize in Yugoslavia. Isozyme variation and genetic diversity. IBPGR, Rome, Italy.
- Girek Z., Prodanović S., Živanović T, Zdravković J, Đorđević M., Adžić S. (2013):** Analysis of GXE interaction by using AMMI model in melon breeding. *Zbornik naučnih radova Instituta PKB Agroekonomik* 19(1-2): 165-174.
- Gophinat G., Madalageri B.B. (1986):** Genetics of yield and its components in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Haryana Journal of Hort.Sci.*15(1-2):103-108.
- Hadživuković S. (1991):** Statistika Beograd.
- Hassanpanah D. (2010):** Analysis of GxE interaction by using the additive main effects and multiplicative interaction in potato cultivars. *International Journal of Plant Breeding and Genetics* 4(1):23-29.
- Hristov N., Mladenov N. (2005):** Pokazatelji tehnološkog kvaliteta pšenice u vremenu i prostoru. *Zbornik radova, Naučni institut za ratarstvo i povrtarstvo Novi Sad*, 41:221-234.
- Hristov N., Mladenov N., Kondić-Špika A., Marjanović-Jeromela A., Jocković B., Jaćimović G. (2011):** Effect of environmental and genetic factors on the correlation and stability of grain yield components in wheat. *Genetika*, Vol.43, No. 1, 141-152.
- Huenh M. (1990):** Non parametric measures of phenotypic stability. *Euphytica* 7: 189-194.
- Iqubal M.N., Chaudhry M.N.A., Sadiq M.Ch. (1995):** General and specific combining ability estimates in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Capsicum and Eggplant Newsletter*, 14: 78-80.

- Isajev V., Mladenović-Drinić S., Lučić A. (2008):** The use of molecular markers in the improvement of conifer tree species. *Bulletin of the Faculty of Forestry* 98: 7-24.
- Isshiki S., Okubo H., Fujieda K. (1994a):** Phylogeny of eggplant and related *Solanum* species constructed by allozyme variation. *Sci Hort* 59: 171-176.
- Isshiki S., Okubo H., Fujieda K. (1994b):** Genetic control of isozymes in eggplant and its wild relatives. *Euphytica* 80: 145-150.
- Isshiki S., Okubo H., Oda N., Fujieda K. (1994c):** Isozyme variation in eggplant (*Solanum melongena* L.). *J Japan Soc Hort Sci* 63: 115-120.
- Isshiki S., Uchiyama T., Tashiro Y., Miyazaki S. (1998):** RFLP analysis of a PCR amplified region of chloroplast DNA in eggplant and related *Solanum* species. *Euphytica* 102: 295-299.
- Isshiki S., Suzuki S., Yamashita K. (2003):** RFLP analysis of mitochondrial DNA in eggplant and related *Solanum* species. *GenetResour Crop Ev* 50: 133-137.
- Jaccard P. (1908):** Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull Vaud Soc Nat* 44: 233-270.
- Jarne P., Lagoda P.J.L. (1996):** Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends Ecol Evol* 11 :424–429.
- Jones C.J., Edwards K.J., Castaglione S., Winfield M.O., Sala F., Van de Wiel C., Bredemeijer G., Vosman B., Matthes M., Daly A. (1997):** Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. *Mol Breed* 3: 381–390.
- Kaloo G. (1988):** Vegetable breeding. Vol 3. CRC Press Inc. Boca Raton, FL, USA, 174 pp.
- Kaloo G. (1993):** Eggplant (*Solanum melongena*). In: Kaloo G. (Ed) Genetic improvement of vegetable crops. Pergamons, Oxford, pp 587-604.

Kang M.S. (1988): A rank-sum method for selecting high yielding, stable corn genotypes. *Cereal Res Comm* 16: 113-115.

Kang M.S. (1990): (ed) Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Department of Agronomy, Louisiana Agricultural Experiment Station, Louisiana State University Agricultural Center, Baton Rouge, LA 70803-2110.

Karihaloo J.L., Brauner S., Gottlieb L.D. (1995): Random amplified polymorphic DNA variation in the eggplant. *Theor Appl Genet* 90: 767-770.

Karihaloo J.L., Gottlieb L.D. (1995): Allozyme variation in the eggplant, *Solanum melongena*, L. (*Solanaceae*). *Theor Appl Genet* 90: 578-583.

Kashyap V., Vinod K.S., Collonnier C., Fusari F., Haicour R., Rotino G.L., Sihachakr D., Rajam M.V. (2003): Biotechnology of eggplant. *Sci Hort* 97: 1-25.

Kaur M., Singh S., Karihaloo J.L. (2004): Diversity of enzyme electrophoretic patterns in the eggplant complex. *J. Plant Biochem Biot* 13: 69-72.

Kaya Y., Palta C., Taner S. (2002): Additive main effects and multiplicative interactions analysis of yield performance in bread wheat genotypes a cross environments. *Turc. J. Agric.*, 26:275-279.

Kempton R.A., Fox P.N. (1997): (eds): Statistical methods for Plant variety evaluation. Chapman & Hall, London, etc, 191 pp.

Khan R. (1979): *Solanum melongena* and its ancestral forms. In: Hawkes J.G., Lester R.N., Skelding A.O. (Eds) The biology and taxonomy of the *Solanaceae*. Academic Press, London, pp 629-635.

Kroonenberg P.M. (1995): Introduction to biplots for G x E tables. Res. 51 Department of Mathematics. University of Queensland, Brisbane, Australia.

Kumchai J., Wei Y.C., Lee C.Y., Chen F.C., Chin S.W. (2013): Production of interspecific hybrids between commercial cultivars of the eggplant (*Solanum melongena* L.) and its wild relative *S. torvum*. *Genet Mol Res* 12: 755-764.

- Lacaze X., Roumet P. (2004):** Environment characterisation for the interpretation of environmental effect and genotype × environment interaction. *Theoretical and Applied Genetics* 100, 1100-1107.
- Leal A.A., Mangolin C.A., do Amaral Júnior A.T., Gonçalves L.S., Scapim C.A., Mott A.S., Eloi I.B., Cordovés V., Da Silva M.F. (2010):** Efficiency of RAPD versus SSR markers for determining genetic diversity among popcorn lines. *Genet Mol Res* 9: 9-18.
- Lester R.N., Hasan S.M.Z. (1991):** Origin and domestication of the brinjal eggplant, *Solanum melongena*, from *S. incanum*, in Africa and Asia. In: Hawkes J.G., Lester R.N., Nees M., Estrada N. (eds) *Solanaceae III. taxonomy, chemistry, evolution*. Royal Botanic Gardens, Kew, pp 369-387.
- Lin C.S., Binns M.R. (1988):** A superiority measure of cultivar performance for cultivar-location data. *Canadian Journal of Plant Science* 68. 193-198.
- Lipkovich I., Smith E.P. (2002):** Biplot and singular value decomposition macros for Excel. Retrieved from: <http://felebox.vt.edu/stats/artsci/vining/keying/biplot/.doc>
- Lohithaswa H.C., Kulkarni R.S., Manjunath A. (2000):** Combining ability analysis for fruit yield, capsaicin and other quantitative traits in chilli (*Capsicum annuum* L.) over environments. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. 60:47-48.
- Mace E.S., Gebhardt C.G., Lester R.N. (1999):** AFLP analysis of genetic relationships in the tribe Datureae (*Solanaceae*). *Theor Appl Genet* 99: 634-641.
- Madhavi R.K., Sadashiva A.T. (2003):** Studies on yield stability in chilli (*Capsicum annuum* L.). *Indian Journal of Horticulture*. 60 (2): 183-187.
- Mahalingam L., Mahedran S., Chandra Babu R., Atlin G. (2006):** AMMI analysis for stability of grain yield in rice (*Oryza sativa* L.): *International Journal of Botany* 2(2): 104-106.

- Manrique K., Hermann M. (2000):** Effect of GxE interaction on root yield and betacarotene content of selected sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.) varieties and breeding clones. CIP Program Report 1999-2000, pp 281-287.
- Marjanović-Jeromela A. (2005):** Genetička divergentnost i varijabilnost komponenti prinosa semena uljane repice (*Brassica napus* L.). Doktorska disertacija, Poljorivredni fakultet, Univerzitet u Novom Sadu.
- Marjanović-Jeromela A., Marinković R., Mijić A., Jankulovska M., Zdunić Z., Nagl N. (2008a):** Oil yield Stability of Winter Rapeseed (*Brassica napus* L.) Genotypes Agric. Conspec. Sci. 73:217-220.
- Marjanović-Jeromela A., Terzić S., Zorić M., Marinković R., Atlagić J., Mitrović P., Milovac Ž. (2011):** Ocena stabilnosti prinosa semena i ulja NS sorti uljane repice (*Brassica napus* L.). Ratarstvo i povrtarstvo 48: 67-76.
- Mattjik A.A., Sumertajaya I.M., Hadi A.F., Wibawa G.N.A. (2011):** Additive main-effect and multiplicative interaction (AMMI) Modeling: present and future. Bogor. ipb Press. 271p.
- Meudt H.M., Clarke A.C. (2007):** Almost forgotten or latest practice? AFLP applications, analyses and advances. Trends Plant Sci 12: 106–17.
- Mihaljev I. and Kraljević-Balalić M.(1987):** Ecological stability of yield components and grain protein content in wheat-Genetika vol.20,no1,pp.33-38
- Milošević M., Malešević M. (2004):** Semestarstvo. Monografija, Institut za ratarstvo i povrtarstvo i Nacionala laboratorija za ispitivanje semena, Novi Sad, pp 202-220.
- Mohammadi S.A., Prasanna B.M. (2003):** Analysis of genetics diversity in crop plants: salient statical tools and considerations. Crop Sci 43: 1235-1248.
- Molini D., Coelho C.J., Máximo D.S., Ferreira F.S., Gardingo J.R., Matiello R.R. (2013):** Genetic diversity in the germplasm of tropical maize landraces determined using molecular markers Genet Mol Res 12: 99-114.

Morgante M., Hanafey M., Powell W. (2002): Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. *Nature Genet* 3: 194-200.

Moury B., Pflieger S., Blattes A., Lefebvre V., Palloix A. (2000): A CAPS marker to assist selection of tomato spotted wilt virus (TSWV) resistance in pepper. *Genome* 43: 137–142.

Mueller U.G., Wolfenbarger L.L. (1999): AFLP genotyping and fingerprinting. *Trends Ecol Evol (Amst)* 14: 389–394.

Muhamad S., Sujiprihati S., Yunianti R., Kusumah D.A. (2011): Parametric stability analysis for yield of chili pepper (*Capsicum annuum* L.). *Journal Agron. Indonesia* 39(1): 31-37.

Mulema J.M.K., Adipala E., Olanya O.M., Wagoire W. (2008): Yield stability analysis of late blight resistant potato selections. *Exp. Agric.*, 44: 145-155.

Mullis K., Faloona F., Scharf S., Saiki R., Horn G., Erlich H. (1986): Specific Enzymatic Amplification of DNA *In Vitro*: The Polymerase Chain Reaction. *Cold Spring Harbor Symposium in Quantitative Biology*, 51:263-73.

Muñoz-Falcón J.E., Vilanova S., Plazas M., Prohens J. (2011): Diversity, relationships, and genetic fingerprinting of the Listada de Gandia eggplant landrace using genomic SSRs and EST-SSRs. *Sci Hort* 129: 238–246.

Nahar S.M.N. (1997): Genetic study of economically important characters and construction of selection index in sugarcane. Ph.D. thesis, Rajshahi University Bangladesh.

Nakitandwe E., Adipala R., El-Bedewy W., Wagoire, Berga L. (2005): Adaptability of sift potato genotypes in different agro-ecologies of Uganda. *African Crop Science Journal*, vol. 13 No.2, pp. 107-116.

- Nalini A.D., Patil S.A. and Salimath P.M. (2011):** Heterosis and combining ability analysis for productivity traits in brinjal (*Solanum melongena* L.). Karnataka J. Agric. Sci., 24(5)(622-625).
- Nandan M., Khare C.P., Dubey V.K., Ansari S.F. (2011):** Phenotypic stability for fruit yield and its components in rain season brinjal (*Solanum melongena* L.) of Chhattisgarh plains. Electronic Journal of Plant Breeding 2(1): 77-79.
- Nasrullah M.(1981):** A Modified procedure for identifying varietal stability. Agric Sci. 3(4):153-159.
- Nassar R., Huehn M. (1987):** Studies on estimation of phenotypic stability: test of significance for parametric measures of phenotypic stability. Biometric 43: 45-53.
- Naveed M., Nadeem M., Islam N. (2007):** AMMI analysis of some upland cotton genotypes for yield stability in different milieus. World Journal of Agricultural Sciences 3(1): 39-44.
- Nehru S.D., Manjunath A., Rangaiah S. (2003):** Genetic variability and stability for fruit yield and metrical characters in chilli (*Capsicum annum* L.). Indian Journal of Horticulture. 39:83-88.
- Ngeve J.M. (1993):** Regression analysis of genotype x environment interactions in sweetpotato. Euphytica 71:231-238.
- Nualsri C., Dhanasobhon C., Srinives P. (1986):** A study on the inheritance of some economically important characters in 4 cultivars of eggplant. (*Solanum melongena* var. *esculenta* nes.). III Gene actions controlling the characters. Kasetstar Journal 20(3):239-248.
- Nunome T., Ishiguro K., Yoshida T., Hirai M. (2001):** Mapping of fruit shape color development traits in eggplant (*Solanum melongena* L.) based on RAPD and AFLP markers. Breed. Sci. 51: 19-26.

Nunome T., Ishiguro K., Yoshida T., Hirai M. (2001): Mapping of fruit shape and color development traits in eggplant (*Solanum melongena* L.) based on RAPD and AFLP markers. *Breed Sci* 1: 19-26.

Nunome T., Ishiguro K., Yoshida T., Hirai M. (2001): Mapping of fruit shape and color development traits in eggplant (*Solanum melongena* L.) based on RAPD and AFLP markers. *Breed Sci* 51: 19-26.

Nunome T., Suwabe K., Iketani H., Hirai M. (2003): Identification and characterization of microsatellites in eggplant. *Plant Breed* 122: 256-262.

Nunome T., Suwabe K., Ohshima A., Fukuoka H. (2003a): Characterization of trinucleotide microsatellites in eggplant. *Breed Sci* 53: 77-83.

Nunome T., Suwabe K., Iketani H., Hirai M. (2003b): Identification and characterization of microsatellites in eggplant. *Plant Breed* 122: 256-262.

Nunome T., Negoro S., Kono I., Kanamori H., Miyatake K., Yamaguchi H., Ohshima A., Fukuoka H. (2009): Development of SSR markers derived from SSR-enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Theor Appl Genet* 119: 1143–1153

Nunome T., Negoro S., Kono I., Kanamori H., Miyatake K., Yamaguchi H., Ohshima A., Fukuoka H. (2009): Development of SSR markers derived from SSR-enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Theor Appl Genet* 119: 1143-1153.

Okamura O., Machida Y., Mochizuki K., Yamakawa T. (1987): First record of the deep-sea batfish *Halieutopsis stellifera* from Japan. *Rep. Usa Mar. Biol. Inst., Kochi Univ.* (9): 201-205.

Ozkaya O., Dundar O. (2009a): Response of 1-methylcyclopropene (1-MCP) treatments on some quality parameters of plum during storage. *J. Food Agric. Environ.* 7: 233-236.

Ozkaya O., Dundar O. (2009b): Chemical and physical characteristics of four strawberry cultivars. *Asian J. Chem.* 21: 2185-2188.

- Pavlović S. (2015):** Efekat ekspresije gena za protein-kinazu 1 duvana (NPK 1) kod transformisanih biljaka karfiola (*Brassica oleracea* L. var. *botrytis*) na razvoj tolerancije prema povišenim koncentracijama NaCl *in vitro*. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Pearce K., Leaster R.N. (1979):** Chemotaxonomy of the cultivated eggplant - a new look at the taxonomic relationships of *Solanum melongena* L. (pp.615-628).
- Perkins J.M., Jinks J.L. (1968):** Environment and genotype x environment components of variability, III. Multiple lines and crosses. *Heredity*, 23:339-356.
- Petrović S., Dimitrijević M., Kraljević-Balalić M., Crnobarac J., Lalaić B., Arsenić I.(2005):** Uticaj genotipa i spoljne sredine na komponente prinosa novosadskih sorti pšenice. Zbornik radova-Naučni Institut za ratarstvo i povrtarstvo Novi Sad. 41: 199-206.
- Petrović S., Dimitrijević M., Belić B., Banjac B., Vukosavljević M. (2009):** Spike stability parameters in wheat grown on solonetz soil. *Genetika*, Vol. 41, no. 2, 199-205.
- Petrović S., Dimitrijević M., Belić M., Banjac B., Bošković J., Zečević V., Pejić B. (2010):** The variation of yield components in wheat (*Triticum aestivum* L.) in response to stressful growing conditions of alkaline soil. *Genetika* 42(3): 545-555.
- Piepho H.P. (1998):** Methods for comparing the yield stability of cropping system – A review. *J. Agron Crop Sci*, 180,193-213.
- Poehlman J.M., Sleper D.A. (1995):** Breeding Field Crops, Iowa State University Press.
- Powell W., Machray G.C., Provan J. (1996):** Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends Plant Sci* 1: 215-222.
- Prodanović S., Šurlan-Momirović G., Rakonjac V., Petrović D. (2015):** Genetički resursi biljaka. Urednik - Dušan Radivojević, Izdavač - Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu, Beograd, p. 1-248.

Prohens J., Blanca J.M., Nuez F. (2005): Morphological and molecular variation in a collection of eggplants from secondary center of diversity: implications for conservation and breeding. *J Am Soc Hortic Sci* 130: 54-63.

Purchase J.L., Hatting H. (2000): Genotype x environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa : II. Stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil* 17(3): 101-107.

Rao K., Shantharam S. (2009): Can GM Crops be introduced into Crop Centres of Origin and Diversity. http://fbae.org/2009/FBAE/website/presidents_corner_cangm-crops-be-introduced.html

Romac S., Vukosavić S., Stojković O., Čuljović B. (1999): PCR u kliničkoj dijagnostici. Narodna biblioteka Srbije, Beograd, pp 8-30.

Sabaghnia N., Dehghani H., Sabaghpour S.H. (2006): Nonparametric methods for interpreting genotype x environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci* 46: 1100-1106.

Sadeghi S.M., Samizadeh H., Amiri E., Ashouri M. (2011): Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of dry leaf yield in tobacco hybrids across environments. *African Journal of Biotechnology* 10(21): 4358-4364.

Sakata Y., Nishio T., Matthews P.J. (1991): Chloroplast DNA analysis of eggplant (*Solanum melongena* L.) and related species for their taxonomic affinity. *Euphytica* 55: 21-26.

Sakata Y., Lester R.N. (1997): Chloroplast DNA diversity in brinjal eggplant (*Solanum melongena* L.) and related species. *Euphytica* 97: 295-301.

Saker M.M., Youssef S.S., Abdallah N.A., Bashandy H.S. (2005): Genetic analysis of some Egyptian rice genotypes using RAPD, SSR and AFLP. *Afr J Biotechnol* 4: 882-890.

Salehuzzaman M., Alam M.S. (1983): Genetic analysis of yield and components in the eggplant. *Sabrao Journal* 1581:11-15.

- Schierwater B., Ender A. (1993):** Different thermostable DNA polymerases may amplify different RAPD products. *Nucleic Acids Res* 21: 4647–4648.
- Schoeman L.J. (2003):** Genotype × environment interaction in sunflower (*Helianthus annuus*) in South Africa. Doctoral dissertation. University of the Free State, Bloemfontein, South Africa.
- Senapati B.K., Sarkar G. (2002):** Genotype-environment interaction and stability for yield and yield components in chilli (*Capsicum annuum* L.). *Vegetable Science*, 29(2):146-148.
- Shafii B., Price W.J. (1988):** Analysis of genotype –by-environment interaction using additive main effects and multiplicative interaction model and stability estimates. *J. Agric. Biol. Environ. Stat*: 335-345.
- Shailesh K.T., Karihaloo J.L., Nowsheen H., Ambika B.G. (2009):** Molecular Characterization of Brinjal (*Solanum melongena* L) Cultivars using RAPD and ISSR Markers. *J Plant Biochem Biot* 18: 189-195
- Sifau M.O., Akinpelu A., Ogunkanmi L.A., Adekoya K.O., Oboh B.O., Ogundipe O.T. (2014):** Genetic diversity in Nigerian brinjal eggplant (*Solanum melongena* L.) as revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Afr J Biotechnol* 13: 2119-2126.
- Sinhg S.N., Singh H.N. (1979):** Genetic variability and heritability in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Progressive Hort.* 12(4): 13-17.
- Singh S.N., Singh H.N. (1985):** Studies on overage degree of dominance and heritability estimates in eggplant. *Hor. Jour. of Hort. Sci* 14(3-4):240-242.
- Singh M., Ceccareli S., Grando S. (1999):** Genotype × environment interaction of crossover type. Detecting its presence and estimating the crossover point. *Theor. Appl. Genet.* 99:988-995.

- Singh A.K., Singh M., Singh R., Kumar S., Kalloo G. (2006):** Genetic diversity within the genus *Solanum* (*Solanaceae*) as revealed by RAPD markers. *Curr Sci* 90: 711-716.
- Sivakamur V., Uma J., Venkata R.C., Paratpara R.M., Rajyalajshmi R., Uma Krishna K. (2015.):** Genotype x environment interaction of brinjal genotypes against fruit borer. *I.J.S.N.*, vol. 6(3): 491-494.
- Smith J.S.C. (1987):** Gene Markers and Their Uses in the Conservation, Evaluation and Utilization of Genetic Resources of Maize (*Zea mays* L.). International Training Session on Scientific Management of Gene Banks, Raleigh, N.C.
- Smith D.N., Devey M.E. (1994):** Occurrence and inheritance of microsatellites in *Pinus radiata*. *Genome* 37: 977–983.
- Sooch B.S., Thakur M.R., Gupta V.P. (1981):** Stability analysis of some characters in chilli (*Capsicum annuum* L.). *Indian journal of horticulture*, 39:83-88.
- Srividhya S., Ponnuswami V. (2011):** AMMi analysis for fruit yield stability of pepper (*Capsicum annuum var.longum* L.). *Agric Sci. Digest.*, 31 (2): 86-92.
- Stagel A., Portis E., Toppino L., Rotino G.P., Lanteri S. (2008):** Gene-based microsatellite development for mapping and phylogeny studies in eggplant. *BMC Genomics* 9: 357.
- Stommel J.R., Whitaker B.D. (2003):** Phenolic acid content and composition of eggplant fruit in a germplasm core subset. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 128: 704-710.
- Sujiprihati S., Syukur M., Yuniarti R. (2006):** The analysis of stability of seven sweet com populations using Additive Main Effect Multiplicative Interaction (AMMI). *Bul. Agron* 34(2):93-97.
- Sunseri F., Polignano G.B., Alba V., Lotti C., Bisignano V., Mennella G., Alessandro A.D., Bacchi M., Riccardi P., Fiore M.C., Ricciardi L. (2010):** Genetic diversity and characterization of African eggplant germplasm collection. *Afr J Plant Sci* 4: 231-241.

- Swarup V. (1995):** Genetic Resources and Breeding of Aubergine (*Solanum melongena* L.). Acta horticulturae 412: 77-79.
- Tančić S., Dedić B., Jocić S., Balalić I., Lačok N., Miladinović D., Miklič V. (2011):** Sclerotinia wilt occurrence on sunflower in Vojvodina, Serbia. Ratarstvo i povrtarstvo 48:353-358.
- Tanksley S.D. (1983):** Molecular markers in plant breeding. Plant Mol Biol Rep 1: 3–8.
- Taracanos P., Ruzgas V. (2006):** Additive main effect and multiplication interaction analysis of grain yield off wheat varieties in Lithuania. Agron. Res., 41:91-98.
- Thennarasu K. (1995):** On certain non parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability (Thesis). New Delhi: PJ School, IARI. pp54.
- Todorović G., Živanović T., Jevđović R., Kostić M., Đorđević R., Zečević B. and Marković T. (2011):** The Mode of Inheritance of Grain Yield in Two Single – Cross Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. Romanian Agricultural Research, 28: 71–77.
- Tumbilen Y., Fray A., Daunay M.C., Doganlar S. (2011):** Application of EST-SSRs to examine genetic diversity in and eggplant and its close relatives. Turk J. Biol 35: 125-136.
- Turnpenny P., Ellard S. (2005):** Emery's Elements of Medical Genetics, 12th Edition Elsevier, London.
- Van der Maesen L.J.G. (1990):** The Biodiversity of African Plants, 140-144.
- Vasil I.K. (1998):** Biotechnology and food security for the 21st century: a real-world perspective. Nature Biotechnology 16, 399-400.
- Vavilov N.I. (1951):** The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. Chron Bot 13: 1-364.
- Verma S. (1986):** Combining ability studies in brinjal (*Solanum melongena* L.). Progressive Hort. 18 (1-2):111-113.

Vierstraete A. (1999): Principle of the PCR.

(<http://users.ugent.be/~avierstr/principles/pcr.html>)

Vijayaragavan V. (2008): Genetic analysis of anthracnose resistance and marketable fruit yield in chilli (*Capsicum annuum* L.) Ph.D. (Kort). Thesis, Tamil Nadu Agric Univ. Coimbatore, India.

Vitria P.R., Muhamed S., Sujiprihati S. and Yunianti R. (2013): Nonparametric stability analysis of yield for nine chili pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes in eight environments. Agrivita volume 35. no 2.

Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., Van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res 23: 4407–4414.

Vosman B., Arens P., Rus-Kortekaas W., Smulders M.J.M. (1992): Identification of highly polymorphic DNA regions in tomato. Theor Appl Genet 85: 239-244.

Wani K.P., Ahmed N., Tanki M.I., Raj N. (2003): Stability analysis for yield and quality characters in hot pepper (*Capsicum annuum* L.). Capsicum and Eggplant Newsletter, 22:75-78.

Watt G. (1908): The Commercial Produces of India, Reprinted 1966, New Delhi.

Weijun Z. (1992): Inheritance of isozymes and morphological characters in the brinjal eggplant. Acta Genet Sin 19: 423-429.

Weising K., Nybom H., Wolff K., Kahl G. (2005): DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods and Applications, 2nd Edition. CRC Press, Boca Raton.

Welsh J., McClelland M. (1990): Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Research, 18: 7213-7218.

Whitaker B.D., Stommel J.R. (2003): Distribution of hydroxycinnamic acid conjugates in fruit of commercial eggplant (*Solanum melongena* L.) cultivars. Journal of Agricultural and Food Chemistry 51(11): 3448-3454.

- Williams J.G.K., Hanafey M.K., Rafalski J.A., Tingey S.V. (1990):** Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods in Enzymology*, 1218: 704-740.
- Williams J.G.K., Hanafey M.K., Rafalski J.A., Tingey S.A. (1993):** Genetic analysis using random amplified polymorphic markers. *Methods Enzymol* 218: 704-740.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavins Z. (2000).** R: Development Core Team (2005): R: a language and environment interaction for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, www.R-project.org.
- Yan W., Hunt I.A. (2003):** Biplot analysis of multi-environment trial data. In: M.S. Kang (ed) "Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding" CAB International, Wallingford, Oxon, UK, 289-303.
- Yayeh Z., Poulos J.M. (1995):** Stability analysis in hot Pepper. *Capsicum and Eggplant Newsletter*, 14:39-42.
- Yi G., Lee J.M., Lee S., Choi D., Kim B.D. (2006):** Exploitation of pepper EST-SSRs and an SSR-based linkage map. *Theor Appl Genet* 114: 113-130.
- Zečević B. (2001):** Uticaj germplazme roditelja na kvantitativne osobine hibrida F_1, F_2 i F_3 generacije paprike (*Capsicum annuum* L.). Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet Zemun. Univerzitet u Beogradu.
- Zeven A.C., Zhukovsky P.M. (1975):** Dictionary of cultivated plants and their diversity. Centre for Agricultural Publishing and Documentation, Wageningen, Netherlands
- Zhou X., Cao G., Lin R., Sun Y., Li W. (1994):** A rapid and efficient DNA extraction method of genus *Fagopyrum* for RAPD analysis. In: Javornik B., Bohanec B., Kreft I. (Eds) Proceedings of impact of plant biotechnology on agriculture. Biotechnical Faculty, Ljubljana, pp 171-175.
- Zobel R., Wright M.J., Gauch H.G. (1988):** Statistical analysis of yield trial. *Agronomy Journal* 80: 388-393.

Zorić M. (2008): Analiza interakcije genotipa i spoljašnje sredine u oplemenjivanju kukuruza primenom multivarijacionih modela. Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet, Beograd.

Živanović T., Branković G. and Radanović S. (2010): Combining abilities of maize inbred lines for grain yield and yield components. Genetika, vol 42. No. 3 565-574.

9. PRILOZI

Prilog 1. LISTA SKRAĆENICA

AFLP eng. *Amplified Fragment Length Polymorphism* - polimorfizam dužine umnoženih fragmenata

AMMI eng. *Additive Main Effects And Multiplicative Interaction Models* – analiza varijanse

ANOVA – analiza varijanse

ASO prajmeri eng. *Allele Specific Oligonucleotide primers* – alel specifični oligonukleotidni prajmeri

AS-PCR eng. *Allele Specific PCR* – alel specifični PCR

DNK - dezoksiribonukleinska kiselina

GBIF eng. *Global Biodiversity Information Facility* – globalne informacije o biodiverzitetu

ITIS eng. *Intergrated Taxonomic Information System* –integrisani taksonomski informacioni sistem

PCA eng. *Principal Components Analysis* – metod glavnih komponenti

PCR eng. *Polymerase Chain Reaction* - lančana reakcija DNK polimeraze

RAPD eng. *Random Amplified Polymorphic DNA* – nasumično amplifikovana polimorfna DNK

RFLP eng. *Restriction Fragment Length Polymorphism* - polimorfizam dužine restrikcionih fragmenata

SNP eng. *Single Nucleotide Polymorphisms* - polimorfizmi pojedinačnih nukelotida

SSR eng. *Simple Sequence Repeats* - ponovci jednostavne sekvence

Прилог 2.

Изјава о ауторству

Потписани-а Јелена Дамњановић

број уписа _____

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом

Генетичка варијабилност и стабилност особина плавог патлиџана
(*Solanum melongena* L.)

- резултат сопственог истраживачког рада,
- да предложена дисертација у целини ни у деловима није била предложена за добијање било које дипломе према студијским програмима других високошколских установа,
- да су резултати коректно наведени и
- да нисам кршио/ла ауторска права и користио интелектуалну својину других лица.

Потпис докторанда

У Београду, 01.04.2016.

Прилог 4.

Изјава о коришћењу

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

Генетичка варијабилност и стабилност особина плавог патлиџана

(*Solanum melongena* L.)

која је моје ауторско дело.

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

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

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

(Молимо да заокружите само једну од шест понуђених лиценци).

Потпис докторанда

У Београду, 01.04.2016.

10. BIOGRAFIJA

Mr Jelena Damnjanović je rođena 03.08.1967. godine u Beogradu. Osnovnu i srednju školu završila je u Smederevskoj Palanci. Poljoprivredni fakultet u Beogradu je upisala 1986. godine i diplomirala 1991. godine. U Institutu "Goša" je zaposlena od 1993. u odeljenju za biotehnologiju, gde radi do 2003. godine. Magistrirala je na Poljoprivrednom fakultetu u Zemunu na Beogradskom Univerzitetu 1999. godine, odbranivši magistarsku tezu pod naslovom "Nasleđivanje kvantitativnih osobina u F₁ generaciji dialelnih hibrida plavog patlidžana (*Solanum melongena* L.).

Od 2004. godine je zaposlena u Institutu za povrtarstvo u Smederevskoj Palanci, pa sve do danas. Radila je u Odeljenju za genetiku i oplemenjivanje, a sada je rukovodilac akreditovane laboratorije za ispitivanje semena. Do sada je kao autor i koautor objavila preko 30 naučnih i stručnih radova, priznate su joj i jedna sorta kelja, jedna sorta bele rotkve i jedna sorta crne rotkve. Učestvovala je na više naučnih skupova iz oblasti genetike i oplemenjivanja biljaka. Bila je učesnik na Projektu tehnološkog razvoja TR.20072 "Istraživanja povrtarskih vrsta u cilju poboljšanja biološke i zdravstvene vrednosti svežeg povrća i njegovih prerađevina povećanjem biovalidnih antioksidanata" (2008-2011), finansiran od strane Ministarstva za nauku i tehnološki razvoj.

Udata je i ima dvoje dece. Govori engleski jezik.