

# Agromorfološka različitost germplazme soje

---

Varnica, Ivan

Doctoral thesis / Disertacija

2021

*Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj:*

**Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek /  
Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek**

*Permanent link / Trajna poveznica:* <https://um.nsk.hr/um:nbn:hr:151:828008>

*Rights / Prava:* [In copyright](#) / [Zaštićeno autorskim pravom.](#)

*Download date / Datum preuzimanja:* **2024-12-24**



Sveučilište Josipa Jurja  
Strossmayera u Osijeku

**Fakultet  
agrobiotehničkih  
znanosti Osijek**

*Repository / Repozitorij:*

[Repository of the Faculty of Agrobiotechnical  
Sciences Osijek - Repository of the Faculty of  
Agrobiotechnical Sciences Osijek](#)



REPUBLIKA HRVATSKA  
SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA U OSIJEKU  
FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK

**Ivan Varnica, dipl. ing.**

**AGROMORFOLOŠKA RAZLIČITOST GERMPLAZME SOJE**

DOKTORSKA DISERTACIJA

Osijek, 2020.

REPUBLIKA HRVATSKA  
SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA U OSIJEKU  
FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK

**Ivan Varnica, dipl. ing.**

**AGROMORFOLOŠKA RAZLIČITOST GERMPLAZME SOJE**

- Doktorska disertacija -

Osijek, 2020.

REPUBLIKA HRVATSKA  
SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA U OSIJEKU  
FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK

**Ivan Varnica, dipl. ing.**

**AGROMORFOLOŠKA RAZLIČITOST GERMPLAZME SOJE**

- Doktorska disertacija -

Mentor: izv.prof.dr.sc. Sonja Petrović

**Povjerenstvo za ocjenu:**

- 1. dr.sc. Sonja Vila, redovita profesorica Fakulteta agrobiotehničkih znanosti Osijek, predsjednik**
- 2. dr.sc. Andrijana Rebečić, izvanredna profesorica Fakulteta agrobiotehničkih znanosti Osijek, član**
- 3. dr.sc. Tihomir Čupić, znanstveni savjetnik, Poljoprivredni institut Osijek, član**

Osijek, 2020.

REPUBLIKA HRVATSKA  
SVEUČILIŠTE JOSIPA JURJA STROSSMAYERA U OSIJEKU  
FAKULTET AGROBIOTEHNIČKIH ZNANOSTI OSIJEK

**Ivan Varnica, dipl. ing.**

**AGROMORFOLOŠKA RAZLIČITOST GERMPLAZME SOJE**

- Doktorska disertacija -

Mentor: izv.prof.dr.sc. Sonja Petrović

**Javna obrana doktorske disertacije održana je 15. siječnja 2021. godine pred  
Povjerenstvom za obranu:**

**Povjerenstvo za ocjenu:**

- 1. dr.sc. Sonja Vila, redovita profesorica Fakulteta agrobiotehničkih znanosti  
Osijek, predsjednik**
- 2. dr.sc. Andrijana Rebekić, izvanredna profesorica Fakulteta agrobiotehničkih  
znanosti Osijek, član**
- 3. dr.sc. Tihomir Čupić, znanstveni savjetnik, Poljoprivredni institut Osijek, član**

Osijek, 2020.

## TEMELJNA DOKUMENTACIJSKA KARTICA

---

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku

Doktorska disertacija

Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek

Poslijediplomski sveučilišni (doktorski) studij: Poljoprivredne znanosti

Smjer: Oplemenjivanje bilja i sjemenarstvo

UDK:

Znanstveno područje: Biotehničke znanosti

Znanstveno polje: Poljoprivreda

Grana: Genetika i oplemenjivanje bilja, životinja i mikroorganizama

### Agromorfološka različitost germplazme soje

Ivan Varnica, dipl. ing.

Disertacija je izrađena na Fakultetu agrobiotehničkih znanosti Sveučilišta Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku

Mentor: izv.prof.dr.sc. Sonja Petrović

U ovom je istraživanju ispitana genetska različitost germplazme soje na temelju agronomskih i morfoloških svojstava te je utvrđena genetska udaljenost između 74 ispitivana genotipa. Ciljevi ovog istraživanja su bili utvrditi: (1) vrijednosti morfoloških svojstava za utvrđivanje kriterija različitosti genotipova u postupku DUS ispitivanja za priznavanje i zaštitu novih sorti, (2) procijeniti genetsku varijabilnost germplazme soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava, (3) identificirati genotipove nositelje određenih agronomskih svojstava i izabrati superiorne za buduća križanja. Tijekom dvije vegetacijske sezone na pokusnom polju Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu, Centra za sjemenarstvo i rasadničarstvo postavljen je poljski pokus u dva ponavljanja prema slučajnom bloknom rasporedu. Tijekom svake godine analizirano je 19 morfoloških svojstava prema UPOV-om vodiču za ispitivanje soje i sedam agronomskih. Analizom dobivenih podataka najveći doprinos utvrđivanju različitosti i najbolje diferenciranje genotipova utvrđen je za svojstva početak cvatnje, vrijeme dozrijevanja, boja dlačica stabljike, boja cvijeta odnosno obojenje hipokotila antocijanom te visina biljaka. Provedenom diskriminantnom analizom vidljivo je da u sušnim godinama proporcije rasporeda dozrijevanja za kasnije grupe bivaju narušene, dok u vremenski umjerenijim godinama razina diferenciranosti za ranije grupe zriobe biva slabije određena. Prosječan indeks raznolikosti za ispitivana morfološka svojstava na promatranoj populaciji iznosio je 0,77, što ukazuje na visok stupanj morfološke raznolikosti. Za sva ispitivana agronomska svojstva je utvrđen statistički značajan utjecaj genotipa, godine te njihove interakcije. Analizom agromorfoloških svojstava za utvrđivanje genetske udaljenosti grupiranje genotipova nije pratilo obrazac geografskog porijekla, a najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove genotipova Paradis i Sapporo te je korištenjem ove kombinacije najizglednije povećanje genetske varijabilnosti populacije soje.

Broj stranica: 147

Broj slika: 11

Broj tablica: 31

Broj literaturnih navoda: 208

Jezik izvornika: hrvatski

**Ključne riječi:** soja, DUS, morfološka svojstva, agronomska svojstva, genetska udaljenost

**Datum obrane:** 15. siječnja 2021.

**Povjerenstvo za obranu:**

1. **prof. dr. sc. Sonja Vila** – predsjednica
2. **izv. prof. dr. sc. Andrijana Rebekić** – članica
3. **dr. sc. Tihomir Čupić** – član

**Disertacija je pohranjena u:**

Nacionalna i sveučilišna knjižnica u Zagrebu, Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Sveučilište u Zagrebu, Sveučilište u Rijeci, Sveučilište u Splitu

## **BASIC DOCUMENTATION CARD**

---

**University of Josip Juraj Strossmayer in Osijek**

**PhD thesis**

**Agrobiotechnical faculty Osijek**

**Postgraduate university study: Agricultural Sciences**

**Course: Plant Breeding and Seed Science**

**UDK:**

**Scientific Area: Biotechnical Sciences**

**Scientific Field: Agriculture**

**Branch: Genetics and breeding of plants, animals and microorganisms**

### **Agromorphological diversity of soybean germplasm**

**Ivan Varnica, MSc**

**Thesis performed at** Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek, University of Josip Juraj Strossmayer in Osijek

**Supervisor: PhD Sonja Petrović, associated professor**

This research examined the genetic diversity of soybean germplasm based on agronomical and morphological characteristics on set of 74 genotypes. Main objectives were to determine: (1) values of morphological traits for determining genotype distinctness criteria in the DUS testing procedure for registration and protection of new varieties, (2) to assess genetic variability of soybean germplasm based on morphological and agronomical characteristics, and (3) identify genotypes with favourable agronomic traits and select superior ones for future breeding programs. Field trials were set up in randomized complete block design with two replications at the Croatian Agency for Agriculture and Food, Centre for Seed and Seedlings during two growing seasons. During each year of the study, 19 morphological characteristics were analysed according to the UPOV soybean test guideline and seven agronomical traits. Analysed data showed that the greatest contribution to the determination of distinctness and the best differentiation of genotypes have the characteristics of beginning of flowering, time of maturity, colour of hairs of stem, flower colour or anthocyanin coloration of hypocotyl and plant height. The discriminant analysis showed that in dry seasons the proportions of maturity for later groups were less determined, while in moderate seasons the level of differentiation for earlier groups was less determined. The average diversity index for the morphological traits on the observed population of 74 genotypes was 0.77, which indicates a high degree of morphological diversity. The analysis of variance showed that genotype, year, and genotype x year interaction had a significant effect on all studied traits. By analysing agromorphological characteristics for determining genetic distance, grouping of genotypes did not follow the pattern of geographical origin, and the largest genetic distance was determined for pairs Paradis and Sapporo, using these combinations is most likely to increase the overall genetic variability of the soybean population.

**Number of pages:** 147

**Number of figures:** 11

**Number of tables:** 31

**Number of references:** 208

**Original in: Croatian**

**Key words:** soybean, DUS, morphological characteristics, agronomical characteristics, genetic distance

**Date of the thesis defense:** January 15<sup>th</sup>, 2021

**Reviewers:**

1. **PhD Sonja Vila, professor** – president
2. **PhD Andrijana Rebekić, associate professor** – member
3. **PhD Tihomir Čupić** – member

**Thesis deposited in:**

National and University Library, University of Josip Juraj Strossmayer in Osijek, University of Zagreb; University of Rijeka; University of Split

# KAZALO

<b>1. UVOD</b> .....	1
<b>1.1. Pregled literature</b> .....	3
1.1.1. Izazovi u povećanju proizvodnje i oplemenjivanju soje.....	3
1.1.2. Genetska varijabilnost soje.....	6
1.1.3. Genetski izvori soje.....	9
1.1.4. Gubitak biljnih genetskih izvora i genetska erozija soje.....	11
1.1.5. Karakterizacija germplazme soje.....	14
1.1.6. Morfološka svojstva u procjeni različitosti.....	15
1.1.7. Agronomska svojstva u procjeni različitosti.....	18
1.1.8. Vremenske oscilacije kao čimbenik u selekciji soje.....	22
<b>1.2. Cilj istraživanja</b> .....	24
1.2.1. Hipoteza.....	24
1.2.2. Ciljevi istraživanja.....	24
<b>2. MATERIJAL I METODE RADA</b> .....	25
<b>2.1. Biljni materijal</b> .....	25
<b>2.2. Poljski pokusi</b> .....	27
2.2.1. Klimatski uvjeti.....	28
2.2.2. Pedološki uvjeti.....	29
2.2.3. Primijenjena agrotehnika.....	29
<b>2.3. Analiza morfoloških i agronomskih svojstava</b> .....	30
<b>2.4. Statistička analiza podataka</b> .....	36
<b>3. REZULTATI ISTRAŽIVANJA</b> .....	40
<b>3.1. Rezultati analize morfoloških svojstava</b> .....	40
3.1.1. Distribucija i varijabilnost morfoloških svojstava.....	40
3.1.2. Razlikovna vrijednost morfoloških svojstava.....	45
3.1.3. Grupiranje genotipova soje na temelju morfoloških svojstava.....	47
3.1.4. Dijagram paralelnih koordinata za morfološka svojstva.....	50
<b>3.2. Rezultati analize agronomskih svojstava</b> .....	51
3.2.1. Varijabilnost agronomskih svojstava.....	51
3.2.1.1. Visina biljke.....	56
3.2.1.2. Broj mahuna po biljci.....	58
3.2.1.3. Broj zrna po biljci.....	60
3.2.1.4. Broj zrna po mahuni.....	62
3.2.1.5. Masa 1000 zrna.....	64
3.2.1.6. Masa zrna po biljci.....	66



3.2.1.7. Broj dana do početka cvatnje .....	68
3.2.1.8. Broj dana do zriobe .....	70
3.2.1.9. Sadržaj bjelančevina.....	72
3.2.1.10. Sadržaj ulja.....	74
3.2.2. Grupiranje genotipova soje na temelju agronomskih svojstava.....	76
3.2.2.1. Klaster analiza genotipova soje na temelju agronomskih svojstava u 2015. godini.	76
3.2.2.2. Klaster analiza genotipova soje na temelju agronomskih svojstava u 2016. godini.	79
3.2.3. Korelacija agronomskih svojstava .....	82
3.2.4. Prikaz paralelnih koordinata agronomskih svojstava.....	84
<b>3.3. Grupiranje i diskriminantna analiza agronomskih i morfoloških svojstava .....</b>	<b>86</b>
3.3.1. Grupiranje genotipova na temelju agronomskih i morfoloških svojstava .....	86
3.3.2. Diskriminantna analiza agronomskih i morfoloških svojstava .....	88
3.3.2.1. Diskriminantna analiza genotipova soje u 2015. godini .....	89
3.3.2.2. Diskriminantna analiza genotipova soje u 2016. godini .....	93
<b>4. RASPRAVA.....</b>	<b>97</b>
<b>4.1. Vrijednosti morfoloških svojstava za utvrđivanje kriterija različitosti genotipova u postupku DUS ispitivanja.....</b>	<b>97</b>
<b>4.2. Raznolikost germplazme soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava</b>	<b>100</b>
4.2.1. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju morfoloških svojstava .....	109
4.2.2. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju agronomskih svojstava.....	110
4.2.3. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju agromorfoloških svojstava	111
4.2.4. Karakterizacija i povezanost agronomskih svojstava .....	112
<b>4.3. Genotipovi nositelji prinosnih komponenti.....</b>	<b>113</b>
<b>5. ZAKLJUČCI.....</b>	<b>115</b>
<b>6. LITERATURA .....</b>	<b>117</b>
<b>7. SAŽETAK.....</b>	<b>135</b>
<b>8. SUMMARY .....</b>	<b>137</b>
<b>9. PRILOG.....</b>	<b>139</b>

## 1. UVOD

Soja (*Glycine max* L. Merr.) pripada kulturama koje su prema svom značaju u poljoprivrednoj proizvodnji i prehrambenoj industriji gotovo nezamjenjive. Uzgoj soje traje više od 4000 godina, a važnost prije svega proizlazi iz njenog kemijskog sastava zrna radi kojeg je postala najvažnija bjelančevinasta i uljna kultura u svijetu.

Kulturna soja je porijeklom iz Azije s primarnim gen centrom u sjeveroistočnom dijelu Kine (Morse i sur., 1949.), otkud se proširila po cijelom svijetu. Uzgojno područje soje na sjevernoj zemljinoj polutki kreće se od ekvatora do 56° geografske širine, a na južnoj polutki od ekvatora do 45° geografske širine. Za očekivati je da će selekcija i razvoj novih genotipova s kraćom vegetacijom odnosno bolje adaptabilnosti još više povećati područje uzgoja.

Danas su vodeći pojedinačni proizvođači soje u svijetu SAD (119,5 milijuna tona), Brazil (114,5 milijuna tona), Argentina (54,9 milijuna tona), Kina (13,1 milijuna tona) i Indija (10,9 milijuna tona), dok se na području Europe proizvodi u količini od 10,7 milijuna tona (FAOSTAT, 2017). Prema FAO podacima za 2017. godinu soja se u svijetu proizvodila na 123 milijuna hektara s prosječnim prinosom od 2,85 t/ha što na svjetskoj razini čini proizvodnju od 352 milijuna tona (FAOSTAT, 2017). U periodu od 1997. do 2017. ukupna proizvodnja soje u svijetu se povećavala s prosječnom godišnjom stopom od 4,7 %, što je rezultat povećanja površina pod sojom s prosječnom godišnjom stopom rasta od 3,2 % za isti period i prosječnog godišnjeg porasta prinosa zrna za 1,5 % (FAOSTAT, 2017). Za istaknuti je period od 2012. do 2017. godine kada je proizvodnja porasla za 111 milijuna tona odnosno za 46,2 % (FAOSTAT, 2017). U Republici Hrvatskoj se prema podacima Državnog zavoda za statistiku soja u 2017. godini požela s 85,1 tisuću hektara s prosječnim prinosom od 2,4 t/ha što čini proizvodnju od 207,7 tisuća tona. Trend povećanja površina pod sojom pratio je i trend povećanja prosječnog uroda zrna po hektaru, ali uz velike oscilacije. Od 1992. godine do 2000. godine prosječan urod je iznosio 2,15 t/ha uz prosječan godišnji porast prinosa od 6,3 %. Od 2001. godine do 2010. godine prosječan urod je iznosio 2,42 t/ha uz prosječan godišnji porast prinosa od 4,8 %, a od 2011. godine do 2017. godine prosječan urod je iznosio 2,46 t/ha uz prosječan godišnji porast prinosa od 3,3 % (FAOSTAT, 2017.).

Visoki udio bjelančevina i ulja svrstava je u najvažnije hranidbene kulture za ishranu ljudi i stoke. Aminokiselinski sastav bjelančevina u zrnu čini ovu kulturu jedinstvenom u

ljudskoj prehrani rastuće svjetske populacije, odnosno čini ju idealnim nadomjestkom za meso. Zrno soje sadrži 35 – 50 % bjelančevina, 18 – 24 % ulja, 34 % ugljikohidrata i oko 5 % pepela. Soja je najveći izvor bjelančevina u ishrani domaćih životinja (Qiu i Chang, 2010). Prema Wilsonu (2008.) udio soje u proizvodnji ulja na svjetskoj razini iznosi 56 %. Ulje soje pripada grupi polusušivih ulja u kojem se nalazi oko 95 % triglicerida i 5 % fosfolipida od kojih je najvažniji lecitin (4 %). Osim za prehrambene svrhe sojino ulje nalazi primjenu u industriji maziva, boja i lakova, uljnih aditiva, sredstava za čišćenje u kućanstvu, proizvodnji voska, plastike, tekstila, biodizela i dr. Izdvajanjem ulja dobiva se sojina sačma, visoko kvalitetna bjelančevinasta komponenta u stočnoj ishrani koja sadrži 44 – 48 % bjelančevina. Zrno soje sadrži minerale kalija (K), fosfora (P), sumpora (S), kalcija (Ca), željeza (Fe), magnezija (Mg) i natrija (Na), te vitamine A1, B1, B3, B6, C, D, E i K. Farmaceutska industrija već koristi sastojke soje za proizvodnju krema, antioksidansa i dodataka prehrani. Pored hranjivih tvari zrno soje sadrži i kompleks antihranjivih tvari (Mikić i sur., 2009.; Srebić, 2013.) kao što su tripsin inhibitori, hemaglutinin, saponin, goitrogeni faktori, lipoksidaza, ureaza i dr.

U agrotehničkom smislu soja je dobar predusjev za gotovo sve ratarske kulture, svojim razvijenim korijenovim sustavom popravljajući strukturu tla te zahvaljujući simbiozi s bakterijama *Bradyrhizobium japonicum* obogaćuje tlo dušikom.

Na Sortnoj listi RH registrirano je 40 sorti soje (prosinac, 2018.) od kojih 25 (62,5 %) potječe iz domaćih oplemenjivačkih programa što govori o značajnom udjelu i važnosti domaće selekcije. Iz činjenice da soja pripada skupini biljaka kratkog dana te da izrazito reagira na fotoperiodizam i okolinu u kojoj se uzgaja čini lokalne oplemenjivačke programe presudnim u povećanju prinosa i otpornosti novih genotipova. Kontinuiranim oplemenjivanjem i selekcijom stvaramo nove sorte koje su odlučujući činitelj povećanja proizvodnje (Vratarić i Sudarić, 2008.). Slijedom introdukcije, hibridizacije i selekcije poželjnih genotipova stvaraju se sorte prilagođene ovom području i specifičnostima uzgoja. Kontinuiranim znanstvenim i tehnološkim razvojem potvrđuje se vrijednost kvalitete i sastava zrna soje te se povećava raznovrsnost njene uporabe (Vratarić i Sudarić, 2008.). Jednako tako trendovi ukazuju i da kontinuiran napredak u povećanju prinosa ipak postoji (Wilcox, 2001.; Malcom i sur., 2002.; Matoša i sur., 2017.) bez obzira na činjenicu da je kultivirana soja uske genetske osnove (Gizlice i sur., 1994.).

## 1.1. Pregled literature

Soja pripada porodici *Leguminosae*, potporodici *Papilionaceae*, *Fabaceae* rodu *Glycine* L. (Melchior, 1964. cit. Gazzoni, 1994.; Vratarić i Sudarić, 2008.). Rod *Glycine* podijeljen je u dva podroda, a to su *Glycine* i *Soja*. Prvi podrod *Glycine* sastoji se od višegodišnjih divljih vrsta soje koje su uglavnom zastupljene na Australskom kontinentu. Podrod *Soja* se sastoji od kulturne forme *Glycine max* (L.) Merr. i divlje soje *Glycine soja* Sieb. Zucc. Soja je tetraploid ( $2n=40$ ), pretpostavlja se da je do duplikacije genoma došlo prije oko 59 milijuna godina te ponovo prije 13 milijuna godina (Schmutz i sur., 2010.). Isti autor navodi i podatak da gotovo 75 % gena ima višestruke kopije, što vjerojatno predstavlja važnu osnovu u varijabilnosti kvantitativnih svojstava (Burton i Miranda, 2013.). Soja je visokosamooplodna biljna vrsta s postotkom stranooplodnje između 0,5 do 1 % (Martinčić i Kozumplik, 1996.). Domestikacija soje je započela prije 6000 do 9000 godina na području Azije, a rezultirala je značajnom genetskom raznolikošću kultivirane i divlje vrste (Kim i sur., 2010.). Postoje podijeljena mišljenja vezano uz mjesto i vrijeme domestikacije. U radu Sammoura (2011.) su iznesena različita stajališta, tako istraživanje Fukude (1933.) upućuje na sjeveroistočnu Kinu, Wang (1947.) na južnu Kinu, Hymowitz (1970.) na istočne dijelove sjeverne Kine (donji dio Žute rijeke) odnosno da je do domestikacije došlo paralelno na više lokacija (Lu, 1978.). Novija istraživanja ukazuju da je ishodište domestikacije područje od juga do sjevera istočne Kine i dolina Žute rijeke (Zhou i sur., 1998.; Dong i sur., 2004.; Li i sur., 2010.). Istraživajući lokalne populacije Guo i sur. (2010.), prema Sedivy i sur. (2017.), su došli do zaključka da je udomaćena soja monomorfnog porijekla.

Soja se iz primarnog gen centra u 1. st.pr.n.e. proširila na područje Korejskog poluotoka, a od 1. do 16. stoljeća n.e. se proširila na područje Japana, Vijetnama, Indonezije, Indije i Nepala (Hymowitz, 1990.). U Europu je introducirana tijekom 18. stoljeća kada su je misionari donosili iz Kine i Japana. U Americu je introducirana 1765. godine kao hrana za stoku, a široka upotreba je započela početkom dvadesetih godina prošlog stoljeća.

### 1.1.1. Izazovi u povećanju proizvodnje i oplemenjivanju soje

Iako se u posljednja dva i pol desetljeća proizvodnja udvostručila, svjetska potražnja za sojom je i dalje u porastu. Prema Appunu i sur. (2008.) soja je jedna od najvažnijih ekonomskih strateških kultura. Porast proizvodnje u svijetu rezultat je povećanja proizvodnih površina, prvenstveno u Argentini i Brazilu, napretka u agronomskoj praksi

same proizvodnje, ali i kontinuiranog napretka u selekciji te ostvarivanja genetske dobiti u obliku novih i boljih genotipova. Svjedoci smo velikog tehnološkog napretka u oplemenjivanju kojima se postižu navedeni ciljevi. Pregledom ostvarenih prosječnih prinosa po hektaru (FAOSTAT, 2017.) vidljiv je napredak u povećanju. Prema Specht i sur. (1999.) te Burton i Miranda (2013.) oko 80 % povećanja prinosa se može pripisati ostvarenoj genetskoj dobiti. Moderne sorte imaju potencijal ostvarivanja prinosa i preko 6,7 t/ha, a istraživanja ukazuju da je zbog ostvarene genetske dobiti prosječan godišnji prinos godišnje rastao od 10 do 30 kg/ha (Cooper, 2003.; Miladinović i sur., 2015.).

Kako bi proizvodnost ostala na stabilnoj i pozitivnoj razini, pred oplemenjivačima je zadatak da se uska genetska raznolikost modernih sorti soje proširi. Većina istraživanja germplazme kultivirane soje utvrđuje usku genetsku osnovu što ukazuje na potrebu prikupljanja germplazme i introdukcije genetski udaljenih sorata i introgresije poželjnih alela (Matoša Kočar, 2016.). Prema Mikelu i sur. (2010.) mogući ograničavajući čimbenik širenja genetske raznolikosti je taj što brojni manji oplemenjivači djeluju u sklopu manjeg broja velikih korporacija koje putem patenata štite svoj sortiment čime je smanjena razmjena germplaze soje, a iste te korporacije služe se i uvođenjem samo određenih svojstava u već postojeće i priznate sorte. Ipak, pojedini oplemenjivački programi su ostvarili pozitivne pomake, kao što je primjer germplazme soje visokih prinosa za čiji razvoj su dijelom korišteni i egzotični izvori genetskih udaljenih kineskih genotipova (Carter i sur., 2010.; Nelson i Johnson, 2011.; Chen i sur., 2011.; Nelson i Johnson, 2012.; Burton i Miranda, 2013.).

Napredak u proizvodnji soje prate brojni izazovi, a jedan od njih je povećanje otpornosti i adaptabilnosti soje na abiotske čimbenike klimatskih promjena i globalnog zatopljenja, prvenstveno suše, velikih vremenskih oscilacija, poplava, salinizacije tla i dr. Prema Burtonu i Mirandi (2013.) svjedoci smo nezabilježene klimatskih promjena radi kojih moramo koristiti nove genetske alate zajedno sa standardnim metodama oplemenjivanja kako bismo zadržali produktivnost i kvalitetu soje. Prema istim je autorima markerima potpomognuta selekcija korisna u otkrivanju gena i za razvijanje selektivnih markera za te gene, ali za kvantitativna, multigena svojstva navedena selekcija nije praktična.

U stvaranju sorti tolerantnih na stres razvijaju se i prate brojni parametri. Tako se današnje sorte u odnosu na prijašnje znatno fiziološki razlikuju, efikasnije su u konverziji svjetlosne energije, imaju veći neto učinak fotosinteze, sadržaj klorofila, specifičnu lisnu

masu te efikasnost korištenja vode (Koester i sur., 2014.; Miladinović i sur., 2015.). Prema Chenu (2014.) idealan genotip ima svojstva brzorastućeg i dubokog korjenovog sustava, sposobnost održavanja biološke fiksacije dušika u sušnim uvjetima, stome koje kompenziraju visok deficit vodene pare u zraku i regulaciju ugljičnog dioksida u kombinaciji s većom fotosintetskom učinkovitošću.

Soja je u svjetskoj proizvodnji vodeća genetički modificirana kultura. U 2018. godini udio genetički modificirane soje činio je 78 % na svjetskom nivou (International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications, 2018.). Od kada je genetički modificirana soja (1996.) tolerantna na glifosat puštena u proizvodnju, proširila se velikom brzinom u Sjevernoj i Južnoj Americi. Prednosti ovakve soje su u jeftinijoj proizvodnji, manjem utrošku energije i vremena po jedinici površine, jeftinom i pristupačnom herbicidu, ali s druge strane javljaju se i nedostaci - proizvodnja sjemena zahtjeva složenu tehnologiju i skupa je, dugotrajnom se upotrebom pojavljuju korovi tolerantni na glifosat, a tu je i uvijek otvoreno pitanje u brojnim zajednicama o prihvatljivosti GM usjeva kao i njihovom utjecaju na okoliš i zdravlje ljudi i životinja.

Širenje palete proizvoda od soje u prehrambenoj industriji uvjetovalo je nove zahtjeve u oplemenjivanju na specifične tipove soje. Prema Chen i sur. (2004.), Van Schoote i sur. (2012.) stvaranje novih sorti podijeljeno je u više pravaca s obzirom na kvalitetu zrna i upotrebu: (1) krupnozrne soje primjerene proizvodnji tofua, sojinog mlijeka i edamamea; (2) sitnozrne soje za proizvode koji fermentiraju (čistog hiluma, tanke sjemene opne) te (3) soje za proizvodnju klijanaca (visoke klijavosti, bez lipogenaze, visokog udjela bjelančevina, izoflavona i šećera). U posljednjoj grupi poželjne postaju sorte s visokim udjelom bjelančevina (preko 43 %), visokim udjelom  $\beta$ -konglicinina te visokim udjelom pojedinih amino kiselina (lizina, metionina, treonina). Obzirom na sastav ugljikohidrata poželjni su genotipovi visokog udjela saharoze te niskog udjela oligosaharida, zatim oni s visokim udjelom izoflavona (preko 0,40 %) u odnosu na standardne koji sadrže 0,15 % do 0,25 %. S obzirom na sadržaj ulja poželjni genotipovi postaju oni s visokim udjelom oleinske kiseline odnosno s niskim udjelom linolenske i palmitinske kiseline.

Širenje i intenziviranje uzgoja soje uvjetuje neprestan oplemenjivački rad na održavanju otpornosti ili tolerantnosti novih sorti na bolesti. Kontinuiranim su oplemenjivanjem glavne bolesti pod kontrolom genetičkih čimbenika, a tek mali postotak je obuhvaćen tretiranjem fungicidima (Vratarić i Sudarić, 2008.). Kako otpornost na bolesti podrazumijeva interakciju dvaju organizama uz selekciju otporne germplazme soje, bitan je

i proces identifikacije virulentnih patotipova štetnika te proučavanje njihove interakcije. U klasičnom je oplemenjivanju bitno pronaći otpornu germplazmu, a razvoj biotehnoloških metoda omogućio je identificiranje i mapiranje gena otpornosti odnosno mapiranje lokusa kvantitativnih svojstava ukoliko se radi o općoj otpornosti te njihovo brže i učinkovitije prenošenje u poželjne genotipove (Wang i Grant, 2010.; Hyten i sur., 2007.; Kim i sur., 2010.).

Velika su postignuća ostvarena i na polju sekvencioniranja genoma soje putem kojeg razumijemo funkcije određenih gena, interakcije među genima, a objavljuju se i upotpunjuju mape genoma soje. Tako je prema Hytenu i sur. (2010.) objavljena mapa koja obuhvaća 3792 SNP markera, 1006 SSR markera, 664 RFLP markera te 38 ostalih markera, ukupno 5500, što je od velike koristi oplemenjivačima pri izboru germplazme kao i proučavanju asocijativnog mapiranja. Od 2010. godine javnosti je dostupna sekvencionirana struktura s 46.430 kodirajućih gena za sortu Williams (Schmutz i sur., 2010.). Kao rezultat poliploidizacije soja ima veliki udio dupliciranih regija unutar svojih kromosoma (Pagel i sur. 2004.). Varijabilnost sekvenci kultivirane soje je relativno niska u usporedbi s drugim kulturama što predstavlja izazov u poboljšanju ove kulture (Sammour, 2011.)

### 1.1.2. Genetska varijabilnost soje

Svu varijabilnost živih formi jednim imenom nazivamo bioraznolikost. Ona može postojati na razini ekosustava, vrste ili genoma (Dawson i sur., 2011.). Kao posebna kategorija izdvaja se agrobioraznolikost gdje je riječ o genetskim izvorima u agro-ekosustavima u poljoprivrednoj proizvodnji. U svijetu je identificirano oko 250 000 biljnih vrsta, a samo 2,8 % od tih vrsta spada u kultivirano bilje gdje svrstavamo i soju (Tyagi i Agrawal, 2015.).

Genetska je varijabilnost osnova za uspješno oplemenjivanje i sve metode koje pridonose njenoj preciznijoj procjeni ubrzavaju postupak dobivanja novih sorti. Istraživanje genetske varijabilnosti je važno i za identifikaciju sorti, održavanje genetske čistoće i pri primjeni zaštite biljnih sorti (Ahmed, 2010.). Poznavanje genetske povezanosti među primkama bitno je u osmišljavanju budućih smjernica u oplemenjivanju na prinos, kvalitetu i otpornosti na štetnike (Wang i sur., 2006.; Tantasawat i sur., 2011.) Tri su načina putem kojih genetska varijabilnost nastaje u prirodi, prvi je genskom rekombinacijom zatim modifikacijama u broju kromosoma te mutacijama (Acquaah, 2012.). Prema Hammeru i

Teklu (2008.) genetska je varijabilnost osnovni čimbenik evolucije vrsta. Općenito, možemo reći da je to nasljedna varijabilnost na razini jedinke ili populacije.

Prema Sudarić i sur. (2008.) za maksimalno genetsko poboljšanje ključno je poznavanje genetske divergentnosti dostupne germplazme. Pri odabiru jedinki za križanja oplemenjivačima je od interesa koristiti što udaljenije roditelje jer će time dobiti veću varijabilnost u potomstvu (Sneller i sur., 2005.). Prema Matinčiću i Kozumpliku (1996.) oplemenjivači u stvaranju novih poboljšanih genotipova polaze od postojećih, prirodnih izvora genetske varijabilnosti ili stvaraju genetsku varijabilnost putem hibridizacije, induciranjem mutacija ili pomoću biotehnoloških metoda. Procjenu genetske varijabilnosti soje moguće je odrediti temeljem podrijetla sorti (Gizlice i sur., 1996.), analizom morfoloških i agronomskih svojstava (Cui i sur., 2001.; Dong i sur., 2001.; Dayaman, 2007.; Ramteke i Murlidharan, 2012.; Chandel i sur., 2013a.), na temelju biokemijskih svojstava, izoenzima i bjelančevina (Sathe i sur., 1987.; Mujoo i sur., 2002., Natarajan, 2006.; Malik i sur., 2009.; Salimi i Abdola, 2013.; Sofalian, 2013.) i molekularnim markerima (Tavaud-Pirra, 2009.; Lee i sur., 2011.; Sayama i sur., 2011.; Bisen i sur., 2015.; Chauhan i sur., 2015.; Gupta i Manjaya, 2017.; Grainger i sur., 2018.). Biokemijski i molekularni markeri pridonose preciznijoj identifikaciji genotipova i svojstava od interesa te ubrzavaju proces stvaranja novih sorti. Miladinović i sur. (2008.) potvrđuju efikasnost primjene izoenzimskih markera s kojima preciznost identifikacije genotipova postaje veća za 25 % u odnosu na primjenu samo morfoloških markera.

Obzirom na velik broj razvijenih sustava markera u odabiru najpogodnijeg prvenstveno treba voditi računa o cilju istraživanja i vrsti za koju se koristi, a kako niti jedan sustav nije idealan, trebamo odabrati onaj koji će dati odgovarajuću razinu informacija za željenu analizu (Safner, 2005.).

Ispitivanjem genetske različitosti na 604 primke divlje soje (*Glycine soja*) koja potječe sa šireg područja Kine, Koreje i Japana koristeći 20 SSR jezgrenih markera i 5 SSR kloroplastnih markera, He i sur. (2012.) su utvrdili visoku genetsku diferencijaciju te slab genski protok među populacijama. Prema istim autorima jugozapadno područje Kine najviše pridonosi ukupnoj raznolikosti soje.

Prema Carteru i sur. (2004.) agronomska i morfološka raznolikost germplazme kolekcija soje je veća kod kulturne soje (*Glycine max*) nego kod divlje (*Glycine soja*), dok je genetska raznolikost prema molekularnim markerima obrnuta tj. veća je u divlje soje. Isti autori navode da je procesom domestikacije kulturna soja izgubila velik dio genetske



varijabilnosti, s druge pak strane uzgoj udomaćene kulturne soje na velikim površinama povećao je izgleda za prirodne mutacije koje su u kombinaciji sa selekcijom i uzgojem poželjnih genotipova povećavale agromorfološku varijabilnost.

Proučavajući 25 biokemijskih, morfoloških i agronomskih svojstava Cui i sur. (2001.) su zaključili da kineski genotipovi soje pokazuju puno veću fenotipsku različitost od američkih te da postoje znatne razlike između te dvije grupe.

Proučavanjem genetske različitosti na 300 modernih sorti iz SAD-a i 277 iz Kine koristeći 5.361 SNP marker utvrđena je razlika između ispitivanih grupa te veća genetska različitost unutar kineskih (Liu i sur., 2017.). Neupitno je da sorte iz SAD-a vuku porijeklo iz malog broja kineskih genotipova soje kao i da su kineski oplemenjivački programi uspješno introducirali u svoju germplazmu elitne sorte iz Sjeverne Amerike (Gai i sur., 2015.). Kao glavne čimbenike koji dovode do genetske različitosti dvaju populacija možemo smatrati napor oplemenjivača koji traje posljednjih nekoliko desetljeća, a koji se odvijao s ciljem poboljšanja adaptabilnosti u različitim agroekološkim i okolišnim uvjetima dviju zemalja (Liu i sur., 2017.). Kako bi bolje proučili genetsku različitost, promjene u genetskoj strukturi te prilagodbe različitim ekološkim uvjetima Zhou i sur. (2015.) su proveli sveobuhvatno istraživanje na 62 primke divlje soje (*Glycine soja*), 130 lokalnih populacija i 110 modernih sorti iz različitih dijelova Kine, Koreje, Japana, Rusije, SAD-a i Kanade koristeći SNP markere. Dobiveni rezultati podupiru hipotezu da se domestikacija dogodila u jednom navratu, ispitivani se se genotipovi grupirali u tri klastera, primke divlje soje su se grupirale zajedno, lokalne populacije su pretežito činile drugi klaster dok se treći klaster sastojao od pretežno modernih sorti. Grupiranje udomaćenih genotipova je izrazito povezano s geografskim porijeklom. Za razliku od lokalnih populacija moderne su sorte imale manju unutargrupnu varijabilnost, a neke su imale i miješano podrijetlo što upućuje na introgresiju i *protok gena* tijekom oplemenjivanja.

Brazil, Argentina, Meksiko, Australija i Indija u svom su razvoju sortimenta soje intenzivno koristile genotipove iz SAD-a i Kanade što je uvelike utjecalo na njihov genetski sastav i povezanost (Abdelnoor i sur., 1995.; Carter i sur., 2004.).

O varijabilnosti soje u Europi je objavljen znatno manji broj radova u donosu na azijsku i američku gen kolekciju. Zapaženije je istraživanje Tavaud-Pirra i sur. (2009.) INRA instituta (Institut National de la Recherche Agronomique) koji su agromorfološkom karakterizacijom te jezgrenom i citoplazmatskim mikrosatelitima analizirali 369 primki, od čega dvije divlje soje, 17 polu-divljih oblika, 17 sjevernoameričkih izvorišnih linija, 32

europske oplemenjivačke linije, te 301 linija INRA kolekcije koja uključuje 85 azijskih, 185 europskih te 32 linije drugog porijekla. Prema rezultatima genetska struktura i grupiranje sorti nije bilo pod velikim utjecajem geografskog porijekla, genetska različitost europske germplazme je niža od azijske, dok je razina različitosti INRA kolekcije intermedijarna u odnosu na azijske i američke primke. Istom analizom izdvojeni su kultivari najveće vrijednosti za daljnje oplemenjivanje, a agromorfološka svojstva primki su bila u uskoj povezanosti s grupiranjem molekularnih podataka.

Oplemenjivački materijali i registrirane sorte s područja jugoistočne Europe su snažno povezane sa zapadnim oplemenjivačkim programima prvenstveno SAD-a i Kanade (Ristova i sur., 2010.; Sammour, 2011.). Prema istraživanju Ristove i sur. (2010.) koje je obuhvatilo 23 sorte jugoistočne Europe (Hrvatske, Srbije, Makedonije i Bugarske) te dvije sorte njemačkog podrijetla, jedna francuskog i dvije kanadskog uz pomoć 23 SSR markera, zaključeno je da je genetska osnova oplemenjivačkog materijala jugoistočne Europe relativno uska. Klaster analizom su svi genotipovi razvrstani u grupe koje uvelike odgovaraju porijeklu i pedigreu. Sličan nivo genetske različitosti je dobiven i kod zapadno-europskih oplemenjivačkih linija prema istraživanju Tavaud-Pirra i sur. (2009.). Genetsku različitost 18 genotipova iz regije Panonske nizine su istraživali Perić i sur. (2014.) putem molekularnih i agromorfoloških markera, istraživanjem su zaključili slično kao i Ristova i sur. (2010.) da je genetska osnova genotipova koje su koristili u istraživanju dosta sužena te naglašavaju potrebu introgresije nove germplazme.

### 1.1.3. Genetski izvori soje

Prema Frankelu (1977.) i Komisiji za biljne genetske izvore FAO (FAO, 1983.), genetski se izvori kultiviranih biljnih vrsta svrstavaju u više kategorija: moderne sorte prisutne u proizvodnji, zastarjele sorte (od kojih su brojni prisutne u pedigreu modernih), lokalne sorte i populacije, oplemenjivačke linije, divlji srodnici kultiviranih vrsta te genetske i citogenetske rezerve. Sa šireg gledišta, genetske izvore s obzirom na srodnost i mogućnost međusobne oplodnje možemo podijeliti na: primarne, sekundarne i tercijarne genetske skupove te izolirane gene (Harlan i de Wet, 1971.; Bains i sur. 2012.). Razvojem novih biotehnoških metoda znanstvenici (Gepts i Papa 2003.; Hammer i Teklu 2008.) uvode termin četvrti genetski skup, a koji predstavlja izolirane gene koji mogu potjecati bilo od srodnih ili udaljenih vrsta, a transfer je omogućen primjenom neke od metoda genetske

transformacije (transgeneze, cisgeneze i intrageneze). Pripadnost nekom od navedenih skupova određena je genetskim srodstvom, odnosno genetskom udaljenošću.

Primjenom podjele biljnih genetskih izvora, autora Harlan i de Wet (1971.), kod soje postoje razvijeni primarni i tercijarni skupovi (Vratarić i Sudarić, 2008). Primarni genetski skup uključuje dvije jednogodišnje vrste, a to su *Glycine max* L. (kultivirana soja) i *Glycine soja* Sieb. Zucc. (divlja soja), obje imaju jednak broj kromosoma ( $2n=40$ ) te križanjem daju fertilno potomstvo *Glycine gracilis* (poludivlji tip). Kako je genetska divergentnost kultivirane soje u velikoj mjeri reducirana putem domestifikacije, divlja je soja važan izvor novih alela (Guo i sur., 2010.; Kaga i sur., 2012.). Divlja je soja najvećim djelom rasprostranjena u gotovo cijelom predjelu Kine, Korejskog poluotoka, glavnim otocima Japana te najistočnijim dijelovima Rusije (Lu, 2004.; He i sur., 2012.). Iako najbliži srodnik, divlja se soja znatno fenotipski razlikuje od kulturne, ima sitnije i crno zrno te je sklona raspucavanju mahune, dok kultivirana soja ima krupnije i uglavnom žuto zrno (Smýkal i sur., 2015.). Većina svojstava od agronomske važnosti su poligena uključujući prinos i otpornost na stresne uvjete okoliša, a prisutnost povoljnih alela, za ova svojstva, u divljoj soji (*Glycine soja*) od elementarne je pomoći u oplemenjivanju novih sorti (Tanksley i McCouch, 1997.; Li i sur., 2008.).

Primarni genetski skup soje obuhvaća preko 95 % *Glycine* svjetske germplazme (Vratarić i Sudarić, 2008). Kod soje nije razvijen sekundarni genetski skup, a tercijarni obuhvaća 22 višegodišnje *Glycine* vrste. Kombiniranje genetske varijabilnosti iz višegodišnjih vrsta s kultiviranom sojom je moguće primjenom novih biotehnoloških metoda.

Prema Qiu (2011.) sustavno prikupljanje soje započelo je početkom 20. stoljeća, a do danas je prikupljeno preko 170 000 primki.

Kina, kao ishodište, posjeduje najveću kolekciju kultivirane soje. Ova kolekcija ima više od 23 000 primki kultivirane soje te više od 7000 primki divlje soje (*Glycine soja*) koje se čuvaju pri Kineskoj nacionalnoj gen-banci (Chinese National Soybean GeneBank - CNSGB) i duplicirane su pri National Germplasm Storage Facility u Qinhuai (Qiu i sur., 2013., Smýkalu i sur. 2015.). Druga najveća kolekcija u svijetu se nalazi u SAD-u i održavana je pri USDA-u (United States Department of Agriculture). Navedena kolekcija sadrži 19 557 primki kultivirane soje iz 87 zemalja širom svijeta, 1181 primku divlje soje te 1038 primki višegodišnjih vrsta soje (Smýkalu i sur., 2015.).

Od ostalih kolekcija koje su svojim brojem primki značajne u očuvanju soje su: The Asian Vegetable Research and Development Centre – AVRDC u Taiwanu koji ima oko 14.000 primki; zatim National Institute of Agrobiological Sciences – NIAS iz Japana koji čuva oko 11.300 primki; The Institute of Agroecology and Biotechnology iz Ukrajine koji ima oko 7.000 primki; N.I. Vavilov Research Institute of Plant Industry iz Rusije s oko 6.000 primki; Crop Experiment Station Upland Crops Research Division iz Koreje s 3.600 primki; Australian Tropical Crops Genetic Research Center iz Australije s oko 3.100 primki te National Research Centre for Soybean iz Indije s oko 2.500 primki. Posljednjih se godina u Brazilu razvija značajna kolekcija soje, u kojoj se prema Smýkalu i sur. (2015.) nalazi oko 2.000 primki za koje je najvažnija činjenica da se ne preklapaju s USDA kolekcijom.

Kako mnoge primke kultivirane soje potječu iz Kine, Japana i Koreje, smatra se da je na globalnom nivou postotak preklapanja i do 70 % (Nelson, 2009; Smýkal i sur. 2015.).

U Europi je u sklopu ECPGR (The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) 1996. godine uspostavljena *Glycine* baza podataka. Održava ju N.I. Vavilov All-Russian Scientific Research Institute of Plant Production - VIR, a sadrži putovničke podatke za više od 12.893 primki iz 11 Europskih izvora ([www.ecpgr.cgiar.org](http://www.ecpgr.cgiar.org)., 2016.).

Prema EURISCO bazi podataka (studeni, 2016.) u Nacionalnim *ex situ* kolekcijama na području Europe čuva se 16.341 *Glycine* primka (<http://eurisco.ipk-gatersleben.de/>, 2016.)

#### 1.1.4. Gubitak biljnih genetskih izvora i genetska erozija soje

Povećanje broja stanovništva, korištenje neobnovljivih izvora energije, razvoj industrije na štetu okoliša, kao i razvoj intenzivne poljoprivrede sa zahtjevima za što rodnijim i ujednačenijim sortama, dovode do smanjenja genetske varijabilnosti. Prema Dawsonu i sur. (2011.) klimatske promjene bi mogle postati najveća prijetnja bioraznolikosti u 21. stoljeću.

Razvoj biotehnologije s novim metodama prijenosa gena, gdje dobivamo transgene kultivare kao što su Bt kukuruz, herbicidno modificirane sorte riže i soje, također predstavljaju opasnost za divlje srodnike i lokalne populacije. Ako se pojavi tzv. „gene flow“ ili *protok gena* i modificirane genetske konstitucije prijeđu na divlje srodnike i lokalne

---

populacije, iste će biti kontaminirane, a proces selekcije i daljnje evolucije vrste može biti izmijenjen (Berthaud i Gepts, 2004.; Hammer i Teklu, 2008.).

Prema FAO podacima (2010.) samo je u 20. stoljeću došlo do gubitka 75 % genetske varijabilnosti kultiviranog bilja, što je rezultat prestanka korištenja lokalnih sorti u korist modernih visokoprinosnih. Čest je slučaj da je samo nekoliko genotipova zastupljeno na nekom proizvodnom području. Primjerice u Republici Hrvatskoj je u 2016. godini od 36 sorti upisanih u Sortnu listu Republike Hrvatske, samo pet zastupljeno (s gotovo 70 %) u sjemenskoj proizvodnji što se direktno reflektira i na merkantilnu proizvodnju (HAPIH-CSR, 2016.). Česta je praksa da se u stvaranju novih sorti koristi samo nekoliko roditeljskih izvora s varijacijama u međusobnom križanju što posljedično smanjuje genetsku različitost kultiviranog bilja. Za primjer je slučaj sorte dvorednog ječma Klages, koja se pojavljuje kao roditelj u većini najraširenijih sorti u proizvodnji u Kanadi i SAD-u (Gilmouru i sur., 1995.; Beljo, 2012.). Istraživanje američke Akademije za znanost navodi da su samo dvije sorte pšenice zastupljene na 40 % površina pod tom kulturom. Uz to navode da u proizvodnji soje dominira samo šest sorti, a 95 % proizvodnje kikirikija se temelji na 9 sorti (Liu i Dong, 1999.).

Obzirom su nove sorte vrlo uniformne i zauzimaju velike površine, dolazimo do problema preosjetljivosti na bolesti i štetnike tj. do genetske osjetljivosti, a istu možemo definirati kao stanje u kojem se kultura ne može prilagoditi biotičkim i abiotičkim promjenama i rizicima. Upravo je ova pojava tijekom povijesti bila uzrokom brojnih gubitaka u poljoprivredi npr. epifitocije žute hrđe na pšenici koje su u Republici Hrvatskoj zabilježene u godinama 1932., 1951., 1955., 1981. i 2014. (Cvjetković, 2015.), plamenjače krumpira (Irska, 1845.), pjegavost lista zobi (SAD, 1946., 1947.) itd.

Na smanjenje genetske divergentnosti uzrokovane modernim oplemenjivanjem ukazali su Lam i sur. (2010.) ispitivanjem 17 primki „divljih“ genoma i 14 primki kultiviranih sorti. Istraživanja na divljim i kultiviranim primkama gen banki su dokazala da primke divlje soje imaju veću genetsku varijabilnost (Chen i Nelson, 2004.; Niu i sur. 2018.).

Ovakav trend širenja malog broja sorti često prati i gubitak genetskih izvora iz njihovih prirodnih staništa, proizvodnih polja ili genskih banaka što nazivamo genetskom erozijom. Pod ovim pojmom podrazumijevamo trajan gubitak bilo koje kategorije biljnih izvora, bilo pojedinačnih gena ili genskih kombinacija. Prema Heu i sur. (2012.) divlja je soja (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.), kao najvažniji izvor germplazme soje za oplemenjivanje trenutno podložna gubitku staništa, fragmentaciji i padu populacija. Prenamjenom zemljišta

u poljoprivredna, u Kini su zabilježeni veliki i nepovratni gubici u fragmentaciji i smanjenju divljih populacija soje u brojnim pokrajinama, a u nekima i do te mjere da su populacije bijelog cvijeta gotovo izgubljene (Dong, 2008.; He i sur., 2012.).

Proces domestikacije je također pridonio tzv. genetskom „bottleneck“ efektu ili efektu genetskog uskog grla u mnogih kultura. Prema Hytenu i sur. (2006.), kod soje su se dogodila tri „bottleneck“ momenta. Prvi je domestikacijski proces u Aziji, drugi je introdukcija relativno malog broja populacija u Sjevernu Ameriku i treći selektivno oplemenjivanje tijekom posljednjih 75 godina. Isti su autori kroz istraživanje na četiri populacije soje nakon sekvencioniranja došli do zaključka da je soja kroz tri navedena momenta izgubila veliki dio rijetkih DNA sekvenci te je prošla kroz veliku promjenu alelnih frekvencija, a najveći učinak uskog grla je imao proces domestikacije. Putem domestikacije divlje soje u lokalne populacije izgubljena je približno polovina genetske različitosti (Zhou i sur., 2015.; Sedivy i sur., 2017.) i 81 % rijetkih alela (Hyten i sur., 2006.; Sedivy i sur., 2017.).

Kod sjevernoameričkih genotipova soje tek 19 ishodišnih linija doprinosi 85 % genskoj konstituciji (Gizlice i sur., 1996.). Razmjer i učinak efekta uskog grla domestikacije, introdukcije u Sjevernu Ameriku te selektivnog oplemenjivanja je vidljiv u padu nukleotidne različitosti ( $\pi$ ); s  $2,17 \times 10^{-3}$  za divlju soju slijedi pad na  $1,47 \times 10^{-3}$  za lokalne populacije, potom slijedi manji pad na  $1,14 \times 10^{-3}$  za sjevernoameričke izvorne populacije te konačno pad na  $1,11 \times 10^{-3}$  za sjevernoameričke elitne sorte (Hyten i sur., 2006.). Ovakvi su rezultati potvrđeni i odvojenim istraživanjima (Li i sur., 2013.; Valliyodan i sur., 2016.). U prikazanom padu nukleotidne različitosti vidljiva je umjerena nukleotidna varijabilnost ishodišnih sjevernoameričkih populacija i ne velika razlika u odnosu na njih elitnih genotipova. Ovo u neku ruku dokazuje odudaranje od premise da selektivno oplemenjivanje doprinosi „bottleneck“ efektu, te da je učinak introdukcije ovih genotipova u Sjevernu Ameriku u odnosu na domestikaciju izrazito mali (Hyten i sur., 2006.; Valliyodan i sur., 2016.; Sedivy i sur., 2017.). Mogući je razlog ovakvog stanja da je selekcija modernih sorti bila usmjerena samo na manji dio genomskih regija koje sadrže povoljna svojstva u odnosu na ukupnu genetsku konstituciju, zatim da je naknadna introgresija genoma iz divlje soje povećala genetsku varijabilnost elitnih sorti kao i ekološki uvjeti selekcije na širokom zemljopisnom području Sjeverne Amerike koji također potiču raznolikost (Sedivy i sur., 2017.).

Vidljivo je da moderne sorte zamjenjuju lokalne sorte i populacije koje su se našle u vrlo nepovoljnom položaju iako su nositelji korisnih gena, a radi svoje male produktivnosti bivaju trajno izgubljene.

#### 1.1.5. Karakterizacija germplazme soje

U Hrvatskoj se u Nacionalnoj kolekciji nalazi 28 primki soje za koje podatke možemo pronaći i na CPGRD bazi podataka ([www.cpgrd.hcpshs.hr](http://www.cpgrd.hcpshs.hr), 2016.). Ovdje se pretežno radi o primkama soje koje su povučene sa sorte liste Republike Hrvatske.

Vrijednost kolekcije germplazme soje ovisi o podacima koji opisuju svaku primku pojedinačno. Tako bi uz putovničke podatke, primke trebale sadržavati i morfološke, agronomske, biokemijske i molekularne podatke kao i specifičnosti ako postoje (otpornosti na sušu i sl.). Prema International Board for Plant Genetic Resources (1984.) uspostavljeni su deskriptori za soju koji obuhvaćaju: putovničke podatke, biljne karakteristike (visoko nasljedne) i podatke preliminarnih ispitivanja (rezultati iz pokusa).

Razvojem biotehnoških metoda razvijale su se i metode karakterizacije germplazme soje. Od biokemijskih metoda uz izoenzime provodi se i SDS-PAGE determinacija skladišnih bjelančevina. Od molekularnih markera najčešće korištene metode su: RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), SSRs (Simple sequence repeats), EST (Expressed Sequence Tags) i SNP (Single Nucleotide Polymorphisms). U novije se vrijeme koriste SSR i SNP markeri. SSR ili mikrosatelitski markeri se odlikuju kodominantnim djelovanjem i visokim stupnjem polimorfizma radi čega su našli široku primjenu u selekciji, populacijskoj genetici, mapiranju genoma i identifikaciji genotipova. SNP markeri koriste nastale razlike u jednom nukleotidu između homolognih DNA fragmenata. Dakle SNP markerima otkrivamo varijabilnosti u pojedinim nukleotidima.

Osim za karakterizaciju primki molekularni markeri su korišteni i pri kreiranju „core“ kolekcija gen-banaka. Kako bi se poboljšala pristupačnost i korištenje primki među velikim brojem uzoraka, odnosno kako bi se izdiferencirali oni reprezentativni koji predstavljaju kolekciju, stvaranje „core“ kolekcija od velike je koristi za oplemenjivače. Tako u kineskoj kolekciji *National Soybean GeneBank* - CNSGB prema.) od 23 587 primki u „core“ kolekcije je svrstano 943 uzorka, a u mini-„core“ kolekciju 118 uzoraka (Qiu i sur., 2013; Kaga i sur., 2012.). Ovakvi sustavi će biti od pomoći u oplemenjivanju i korištenju čuvanih

---

genotipova jer je razvidno prema mnogim istraživanjima da se manje od 1 % svih primki soje čuvanih u svijetu koristi za oplemenjivačke programe (Qiu i sur. 2013.).

#### 1.1.6. Morfološka svojstva u procjeni različitosti

Morfološka svojstva su od velike važnosti u karakterizaciji germplazme, opisima primki u gen bankama, a koriste se od samih početaka oplemenjivanja sve do današnjih dana. Pri klasičnim se metodama oplemenjivanja u selekciji poželjnih individua bilja koristimo morfološkim svojstvima jer su fenotipski vidljiva, laka za očitati, pod malim su utjecajem okoline i pogodna su u prvim koracima selekcije razdvajajućih generacija nakon križanja. Procjenu roditeljskih komponenti za križanja određujemo na temelju njihovih agronomskih svojstava (urod, sadržaj bjelančevina i ulja, otpornost na bolesti, polijeganje, dužina vegetacije i dr.), morfoloških svojstava (boja cvijeta, tip habitusa, boja i oblik lista, boja i oblik zrna, boja hiluma, boja dlačica i dr.), poznavanja porijekla te na temelju poznavanja zabilježenih molekularnih podataka. Većina morfoloških svojstava pripada u kategoriju kvalitativnih svojstava koja su pod djelovanjem manjeg broja gena većeg učinka (major gena).

Osim u oplemenjivanju ocjenjivanje morfoloških svojstava soje provodi se u svrhu priznavanja i zaštite novih sorti sukladno Zakonu o sjemenu, sadnom materijalu i priznavanju sorti poljoprivrednog bilja (NN 140/05, 35/08, 55/11, 14/14) te Zakonu o zaštiti biljnih sorti (NN 131/97, 62/00, 67/08, 124/11). Prema važećim zakonima i pravilnicima svojstva koja su uključena u ocjenu definirana su u skladu s UPOV-im vodičem (International Union for the Protection of New Varieties of Plants; UPOV) za postupak ispitivanja različitosti, ujednačenosti i postojanosti (DUS - Distinctness, Uniformity and Stability) TG/80/6 (UPOV, 1998.), koji je bio važeći do 2018., a od 2018. koristi se CPVO-ov vodič (Community Plant Variety Office), CPVO-TP/080/1. CPVO-ov vodič obuhvaća 18 morfoloških svojstava, dok UPOV-ov vodič uz ovih 18 sadrži još dva svojstva, sveukupno 20.

Prema Zakonu o zaštiti biljnih sorti, sorta je definirana kao skupina biljaka unutar najniže botaničke sistematske jedinice koja se odlikuje izražajnošću svojstava određenog genotipa ili kombinacije genotipova, razlikovanjem od bilo koje druge sorte prema barem jednom od navedenih svojstava, te kao cjelina ostaje nepromijenjena nakon umnažanja ili na kraju svakoga svojstvenog ciklusa umnažanja. Svaka nova linija koja ulazi u postupak



priznavanja ili zaštite mora biti jasno različita od bilo koje druge priznate odnosno opće poznate sorte i to prema barem jednom od ispitivanih svojstava. UPOV-a i CPVO-ova svojstva sukladno zakonskoj regulativi trenutno predstavljaju osnovu opisa i identiteta svake sorte. Nakon priznavanja i zaštite ova svojstva predstavljaju temelj za identifikaciju i kontrolu u sjemenarstvu, za održavanje genetske čistoće kao i za nacionalno i međunarodno trženje sjemenskim materijalom. Prema istraživanju Rauta (2003.) kvalitativna su svojstva stabilna kroz generacije stoga su pouzdana u karakterizaciji sorti.

Ramteke i Murlidharan (2012.) su u svom radu istraživanja različitosti na 92 sorte soje koristili 20 svojstava od kojih se većina koristi u DUS postupku. Provedeno ispitivanje pokazalo je da su 42 (46 %) sorte različite na temelju 11 obveznih karakteristika. Ostalih 50 sorti je klasificirano u 19 grupa od kojih je 13 bilo različito na temelju devet preostalih svojstava. U radu je predloženo, zbog formiranja grupa unutar kojih nema dovoljne razlike između sorata soje, daljnje ispitivanja različitosti na temelju biokemijskih markera.

Prema istraživanju Gupte i sur. (2010.) uspoređivanje sorti kandidata sa svim drugim opće poznatim sortama je izrazito obiman posao, koji može biti smanjen uspoređivanjem sorti samo s najslabijim sortama. S obzirom na to predlaže ispitivanje važnih tj. osnovnih svojstava za sve opće poznate sorte jer su ta svojstva jednoznačna i ponovljiva. Navedeno istraživanje je provedeno kako bi se utvrdila varijabilnost osnovnih svojstava pri grupiranju te za ispitivanje genotipske različitosti. U osnovna su svojstva uključena boja cvijeta, antocijansko obojenje hipokotila, peroksidazna aktivnost, prisutnost dlačica na mahunama, obojenost dlačica mahuna, boja sjemene ovojnice, boja hiluma, oblik lista, tip rasta biljke, vrijeme dozrijevanja, vrijeme cvatnje 50 % biljaka i oblik zrna. Istraživanje je obuhvatilo 89 genotipova soje od kojih je 60 bilo različito na temelju 12 važnih tj. osnovnih svojstava. Svojstva koja su se pokazala pouzdana i ponovljiva po okolinama su boja cvijeta, prisutnost dlačica na mahuni, boja dlačica i boja sjemene ovojnice.

Osnovni nedostaci morfoloških markera su: ograničen broj, uočljivost samo u određenim stadijima razvoja te podložnost utjecajima okoline (Winter i Kahl, 1995.). Za razliku od ovog stajališta, Smykalu i sur. (2008.) ističu razloge i prednosti korištenja morfoloških markera, a to su: veliki broj svojstava, lakši način promatranja i ocjenjivanja te mala interakcija genotip x okolina za dio svojstava. Prema Babiću i sur. (2011.) morfološka se svojstva tradicionalno koriste u opisima i taj će se trend zasigurno nastaviti u agronomskim istraživanjima. Vrijednost deskriptora može se povećati prikupljanjem

---

podataka iz više ponavljanja i godina, odbacivanjem onih koja su pod jakim utjecajem okoline kao i onih koja su u visokoj međusobnoj korelaciji.

Dayaman (2007.) u svom radu ukazuje da boja i sjaj sjemene ovojnice, boja hiluma, urod zrna po biljci, broj grana po biljci te broj nodija s mahunama pridonose maksimalnoj varijabilnosti među promatranim morfološkim svojstvima. Uz to, istraživanjem je potvrđen znatan raspon varijacije za osam kvantitativnih i 14 kvalitativnih svojstava na 45 primki soje koje su grupirane u šest klastera na temelju PCA i hijerarhijske klaster analize. Korelacijskom analizom utvrđena je značajna pozitivna povezanost mase 100 zrna i broja zrna na prinos.

Vandana i suradnici (2017.) su istraživali varijabilnost, heritabilnost i genetsku dobit na genotipovima soje koristeći se morfološkim i agronomskim svojstvima. Od morfoloških su svojstava u ispitivanje uključili boju hiluma, boju sjemene ovojnice, boju cvijeta, prisutnost i boju dlačica. Prema istraživanju eksperimentalni je materijal za sva istraživana svojstva pokazao značajnu razinu varijabilnosti.

Prema Jainu i sur. (2017.) podaci o genetskoj varijabilnosti već generacijama pomažu u odabiru roditeljskih komponenti pri kreiranju novih sorti, a u početnim se fazama proučavanja karakterizacija germplazme isključivo temeljila na morfološkim podacima. Morfološki markeri odražavaju ne samo genetsku konstituciju sorti već i interakciju sorti s okolinom (Shadakshari i sur., 2011.; Jain i sur., 2017.). Morfološka svojstva se mogu koristiti za procjenu fenotipske varijacije u uzgojnim okolinama kao i za indirektnu analizu genetske varijabilnosti i različitosti (Kaur i sur., 2016.; Jain i sur., 2017.).

Genetsku različitost istraživali su Gawande i sur. (2001.) na 50 genotipova soje u svrhu pronalaženja potencijalnih roditeljskih komponenti. Istraživani genotipovi grupirani su u devet klastera, a genetskoj su različitosti u većoj mjeri pridonijeli habitus biljke, broj cvjetnih pupova, oblik liske i boja mahune dok su boja cvijeta, boja lista i boja sjemene ovojnice imali manji utjecaj.

Ravikumar i Narayanasamy (1999.) su proučavajući karakteristike zrna soje za svojstva boje ovojnice, boje hiluma, oblika zrna i veličine zrna utvrdili da su stabilna i da se mogu koristiti u identifikaciji genotipova.

Rani i sur. (2004.) su analizom peroksidazne aktivnosti u sjemenoj ljusci uspješno razlikovali 75 genotipova soje uzgajanih u Indiji.

Među autorima koji su u svojim istraživanjima koristili morfološka svojstva možemo izdvojiti Takahashia i sur. (2010.) koji su u radu analizirali boju hipokotila. Malik (2011.) je

među ostalim svojstvima analizirao različitost soje i prema habitusu biljke, obliku i veličini bočne liske, obliku sjemena, boji mahune i dr. Guo i sur. (2014.) su uz ostala svojstva analizirali i devet morfoloških, a za boju sjemene ovojnice, oblik zrna, tip rasta biljke i boju hiluma utvrdili su visok indeks raznolikosti. Kumar (2008.) je analizirajući intenzitet zelene boje lista utvrdio različite proporcije svjetlo zelenog, zelenog i tamno zelenog lista. Yoon i sur. (2000.) su utvrdili da boja dlačica ima najveći indeks raznolikosti, a oblik lista najmanji među 10 ispitivanih markera, boja cvijeta, boja sjemene ovojnice, boja hiluma, veličina lista, gustoća dlačica su imali različitu jačinu indeksa ovisno o promatranoj regiji. Nadalje, prema veličini sjemena Kaga i sur. (2012.) su u istraživanju japanske kolekcije soje utvrdili raspon mase 1000 zrna od 30 do 775 g. Perry i McIntosh (1991.) su analizirajući 17 svojstava grupirali 2250 genotipova USDA kolekcije u 4 regionalne grupe. Svojstva koja su ostvarila najveći indeks raznolikosti ( $H'$ ) su tip rasta biljke i boja dlačica, u nešto manjoj mjeri i svojstva grupa zrenja, boja cvijeta i boja mahune.

#### 1.1.7. Agronomska svojstva u procjeni različitosti

U kvantitativna svojstva soje ubrajamo sva bitna agronomska svojstva kao što su urod zrna s pripadajućim komponentama uroda, sadržaj ulja i bjelančevina u zrnu, dužina vegetacije, opća otpornost na bolesti i druga. Varijabilnost kvantitativnog svojstva posljedica je djelovanja gena, okolišnih uvjeta i njihove interakcije. Za oplemenjivačke programe vrlo je važno poznavati način nasljeđivanja svojstva s obzirom na djelovanje gena kao i udio genetske varijance u ukupnoj fenotipskoj varijanci tj. heritabilnost. Urod zrna soje od najvećeg je značaja u oplemenjivanju i kompleksno je svojstvo sastavljeno od većeg broja komponenti. U pozitivnoj i signifikantnoj korelaciji s urodom zrna zabilježena su svojstva površine lista, sadržaja klorofila, visina prve etaže mahuna, broj grana po biljci, broj mahuna po biljci, masa 100 zrna i sadržaj ulja (Malik, 2011.).

Procjenu komponenti uroda zrna kao selekcijskog mjerila istraživali su Sudarić i sur. (2002.). Istraživanje je provedeno na 15 sorti tijekom petogodišnjeg razdoblja te je utvrđeno da na urod najviši pozitivan utjecaj imaju masa i broj zrna po biljci koje ujedno imaju i najnižu varijabilnost i najvišu heritabilnost. Rezultati istraživanja su ukazali da će indirektna selekcija na ova dva svojstva dati bolje rezultate nego selekcija preko ostalih istraživanih komponenti.

Sudarić i sur. (2004.) proveli su istraživanje genetskog napretka za komponente prinosa, prinos zrna i kvalitetu zrna soje usporedbom novih elitnih linija i komercijalnih sorti. Istraživanje je provedeno tijekom trogodišnjeg perioda (2001. do 2003. godine) na 31 domaćem genotipu, a dovelo je do zaključka da su komponente prinosa zrna pouzdaniji kriterij selekcije nego sam prinos radi veće heritabilnosti (61,87 do 82,31 %) i boljeg napretka u selekciji (10,63 do 22,78 %).

Proučavajući genetski raznolikost putem multivarijatne analize na 50 genotipova soje Dubey i sur. (2018.) su zaključili da svojstvo biološkog prinosa po biljci najviše pridonosi genetskoj različitosti (78 %), potom su slijedila druga svojstva, broj dana do zriobe (8,9 %), sadržaj bjelančevina (5,55 %), prinos sjemena po biljci (3,1 %), broj dana do cvatnje (2,29 %) te sadržaj ulja (1,14 %). Ispitivani genotipovi su se grupirali u 10 klastera od kojih su 4 pokazala intraklustersku različitost. Prema istoj grupi autora genotipovi koji pripadaju klasterima s najvećom unutargrupnom divergentnošću kao i genotipovi koji pripadaju drugim, ali udaljenim klasterima će križanjima dati varijabilnije potomstvo s poželjnim segregacijama.

Vandana i sur. (2017.) su u istraživanju varijabilnosti, heritabilnosti i genetske dobiti osim morfoloških svojstava koristili i agronomska svojstva te su analizom varijance utvrdili različitost među ispitivanim genotipovima u svim proučavanim svojstvima i zaključuju da ispitivani materijal posjeduje visok stupanj varijabilnosti. Visok fenotipski koeficijent varijacije i visok genotipski koeficijent varijacije je zabilježen za svojstva broja primarnih grana po biljci, broja nodija po biljci, visine biljke i prinos zrna po biljci što ukazuje na znatnu varijabilnost ovih svojstava kod ispitivanih sorti. Za svojstva broj primarnih grana po biljci, visinu biljke i prinos zrna po biljci dobivena je visoka heritabilnost u kombinaciji s visokom genetskom dobiti, što prema autorima ukazuje na aditivno djelovanje gena u nasljeđivanju ovih svojstava te je poboljšanje istih moguće putem direktne selekcije.

Naik i sur. (2016.) su proučavali genetsku različitost i vijabilnost sjemena 225 genotipova soje. Dobiveni rezultati ukazuju na visok stupanj različitosti unutar klastera kao i između klastera što je ukazalo na visok stupanj različitosti između genotipova za ispitivana svojstva. Prinos zrna po hektaru je najviše pridonio ukupnoj genetskoj različitosti, minimalan broj dana do zriobe je bio udružen s visokom masom zrna, visok sadržaj ulja s visokim prinosom, a visok broj mahuna po biljci s visokim prinosom po hektaru i visokom klijavošću.

Sammour (2011.) objedinjuje istraživanja Rajanna i sur. (2000.), Malika i sur. (2006. i 2007.) i Ngona i sur. (2006.) te navodi da su utvrđene razlike u komponentama prinosa soje (na temelju kojih je procijenjena genetska varijabilnost) visoko značajne među genotipovima. Prinos zrna je bio visoko značajan i u pozitivnoj korelaciji s brojem mahuna po biljci. Selekcija provedena na temelju navedenog svojstva direktno je utjecala na povećanje prinosa zrna. Za svojstva visina do prve mahune, lisna površina, broj dana do cvatnje (50 % biljaka), broj dana do potpune zriobe, visina biljke, sadržaj ulja i bjelančevina utvrđen je negativan direktan utjecaj na prinos.

Prema Iqbalu i sur. (2010.) koji su proučavali devet svojstava na 139 genotipova soje putem analize varijance utvrđena je značajna različitost među genotipovima odnosno genetska varijabilnost promatranog uzorka. Korelacijski koeficijent je pokazao da je prinos zrna značajno pozitivno korelirao sa svim svojstvima osim s visinom biljke.

Moe i Girdthai (2013.) su u svom istraživanju genetske različitosti i međuodnosa svojstava koristeći UPGMA metodu grupirali 94 primke soje. Prema agromorfološkim svojstvima primke su svrstane u sedam različitih klastera. U radu je s prinosom zrna zabilježena visoko značajna i pozitivna korelacija sljedećih svojstava: broj dana do 50 % procvjetalih biljki, broj dana do formiranja mahune, broj dana do zriobe, visina biljke, broj ispunjenih mahuna po biljci, masa 100 zrna i žetveni indeks.

Aondover i sur. (2013.) su na 17 genotipova srednje grupe zriobe PCA metodom izdvojili broj mahuna po biljci, prinos sjemena, visinu biljke i visinu do prve mahuna kao svojstva koja najviše određuju genetsku varijabilnost. Korelacijskom analizom je utvrđena pozitivna i signifikantna veza između prinosa sjemena i broja mahuna po biljci te jaka i negativna povezanost s visinom prve mahune. Path analizom je utvrđeno da visina prve mahune ima najveći direktan i negativni utjecaj na prinos sjemena.

Prema Kumaru i sur. (2015.) istraživanje prinosa i pripadajućih komponenti je analizom varijance na 40 genotipova soje pokazalo značajnu razliku među linijama u svim svojstvima. Path analizom je utvrđen najveći utjecaj mase tisuću zrna na prinos sjemena.

Kroz trogodišnje istraživanje na 12 genotipova soje Ghodrati (2013.) utvrđuje postojanje jake pozitivne korelacije između prinosa sjemena i visine biljke. Povećanjem visine biljke povećava se broj nodija po biljci, broj mahuna po biljci te broj zrna po mahuni i po biljci te prinos bjelančevina. Istovremena je selekcija na svojstva broj nodija po biljci, broj mahuna po biljci i visinu biljke učinkovit pristup u povećanju prinosa kao i prinosa bjelančevina. Chandel i sur. (2013.) su analizirali genetsku različitost 70 genotipova soje te

su ih grupirali u 11 klastera. Raspodjela genotipova po grupama nije pokazala povezanost prema geografskom porijeklu. Klaster 10 je zabilježen kao superioran po prinosu po biljci, a klaster 11 kao superioran u sadržaju ulja i bjelančevina, broju grana po biljci, broju mahuna po biljci i biološkom prinosu po biljci te je kao takav preporučen za buduće programe oplemenjivanja.

Malik i sur. (2011.) su istražili odnos agromorfoloških svojstava na 92 genotipa soje koje su potencijalni novi izvor genetske varijabilnosti oplemenjivačkog programa u Pakistanu. U radu su izložili da fenotipska selekcija može biti provedena na temelju morfoloških svojstava kao što su: površina lista, visina biljke, broj mahuna po biljci, broj grana po biljci i mase 100 zrna, a za koje je utvrđena visokoznačajna i pozitivna korelacija s prinosom zrna.

Prema Machikowoj i Laosuwan (2011.) signifikantna i pozitivna fenotipska korelacija utvrđena je za prinos sjemena i broj dana do cvatnje. Broj mahuna po biljci je imao najveći pozitivan i direktan učinak na prinos zrna, a zatim i broj grana po biljci.

Shadakshari i sur. (2011.) su proučavajući genetsku različitost na 50 genotipova soje putem 12 morfoloških karakteristika došli do zaključka da svojstva broja zrna po biljci i mase zrna po biljci najviše pridonose genetskoj raznolikosti genotipova.

Kako bi se povećao, odnosno prilagodio sadržaj ulja i bjelančevina u zrnu prema Burtonu i Mirandi (2013.) u oplemenjivanju se trenutno ulažu značajni napor. Oba svojstva prati značajna genetska varijabilnost, tako USDA germplazma soje za svojstvo bjelančevina varira od 35,1 % do 56,8 % sadržano na suhu tvar (ST), a sadržaj ulja varira od 8,3 % do 27,9 % na ST. Uz to, svojstva su u negativnoj korelaciji ( $r=-0,6$ ) iako postoje određeni pomaci u zasebnim selekcijama. Neke su studije pružile uvid kako paralelno poboljšati oba svojstva, tako su Eskandari i sur. (2013.) odredili određene QTL-ove koji imaju pozitivan učinak na poboljšanje sadržaja oba svojstva kao i nekoliko QTL-ova koji povećavaju količinu ulja, ali ne smanjuju sadržaj bjelančevina ili prinos.

Van Schoote (2012.) također potvrđuje prisutnost velikog raspona sadržaja bjelančevina (33,1 % do 55,9 %) i ulja (13,6 % do 23,6 %) u germplazmi soje što omogućava oplemenjivanje poželjnog omjera svojstava. Nadalje navodi da je visok sadržaj bjelančevina i nizak sadržaj ulja pogodan za određene prehrambene proizvode, a negativna korelacija olakšava dobivanje istih. U radu napominje da je visok sadržaj bjelančevina povezan s niskim prinosom što otežava dobivanje visokoprinosa genotipova s visokim udjelom bjelančevina. Prema Chenu (2004.) visok prinos je uglavnom dobiven selekcijom

genotipova s umjereno visokim sadržajem bjelančevina (43 % do 45%). Prema Chungu i sur. (2003.) povećanje bjelančevina od 2 % prati smanjenje sadržaja ulja za 1 %.

Istraživanjem Balešević-Tubić i sur. (2011.) okolišni činitelji utječu na korelaciju između bjelančevina i ulja, visokoprinosne okoline naglašavaju negativnu korelaciju za razliku od niskoprinosnih okolina u kojima nema navedenog odnosa. Kemijski sastav zrna ovisi o kultivaru, ali je također pod značajnim utjecajem činitelja okoline. Prema Bellaloui i sur. (2009.) utjecaj dužine vegetacije na kemijski sastav zrna je znatno veći od utjecaja maksimalne temperature kroz period nalijevanja zrna.

Popović i sur. (2012.) su utvrdili da je interakcija genotip x godina statistički značajno utjecala na sadržaj bjelančevina i ulja. Tijekom sušnije godine prinos soje je bio u pozitivnoj i statistički visoko značajnoj korelaciji sa sadržajem ulja te u negativnoj i statistički značajnoj korelaciji sa sadržajem bjelančevina. Sadržaj bjelančevina je bio u negativnoj i nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem ulja. U humidnoj godini između ispitivanih svojstava nije ostvarena niti jedna značajna korelacija. Tijekom ispitivanja kultivari ranijeg dozrijevanja su u prosjeku imali veću stabilnost prinosa i sadržaja bjelančevina dok su kultivari kasnijeg dozrijevanja imali veću stabilnost ulja.

#### 1.1.8. Vremenske oscilacije kao čimbenik u selekciji soje

Kako globalne klimatske promjene uzrokuju sve veće vremenske oscilacije, u selekciji je bitno odrediti utjecaj vremenskih čimbenika na povezanost prinosa zrna soje i komponenti prinosa, ispitati jačinu i učinak svake komponente te njihovu reakciju na okolišni stres. Prema Rayu i sur. (2015.) čak 32 % do 39 % varijabilnosti prinosa se može objasniti varijabilnošću klime. Na temelju odnosa i povezanosti svojstava mogu se izdvojiti pogodni pokazatelji prilagodljivosti genotipova na stresne uvjete. Utjecaj klimatskih promjena, osobito režima padalina i temperature, ima izravan i često negativan utjecaj na količinu i kvalitetu prinosa ratarskih kultura (Kovačević i sur., 2013.; Tucak i sur., 2016.). Nepredvidljive promjene vremenskih uvjeta iziskuju potrebu provođenja istraživanja tijekom dvije ili više godina kako bi se dobio logičan zaključak o odabiru genotipa, posebno kada se pokusi provode na istom zemljopisnom mjestu (Ghodrati, 2013., Mijić i sur., 2019.).

Prema Zhao i sur. (2018.) suša i plavljenje vodom čine najveću prijetnju u proizvodnji soje, a uzrokuju gubitke prinosa od 40 % do 60 %. Postizanje otpornosti i umanjenje stresnog učinka treba biti sustavno, kombiniranim korištenjem agrotehničkih mjera i novih metoda

oplemenjivanja. Prema istoj grupi autora u sušnim je uvjetima zabilježena pozitivna korelacija između mase 100 zrna po biljci i prinosa sjemena i utvrđeno je da suša uvjetuje smanjenje mase i veličine zrna, broja nodija i internodalnu dužinu čije umanjeње ovisi o dužini trajanja suše.

Glavna svojstva koja determiniraju prinos u uvjetima vodnog stresa su broj mahuna po biljci, broj zrna po mahuni i masa 100 sjemenki (Ohashi i sur., 2009.; Zhao i sur., 2018.). Ove komponente predstavljaju važan preduvjet nakupljanju asimilata tijekom reproduktivne faze (Zhao i sur., 2018).

Prinos soje je produkt većeg broja komponenti i njihovih interakcija koje na prinos mogu utjecati direktno ili indirektno. Stoga je bitno procijeniti doprinos svakog svojstva kako bi na bolji način mogli iskoristiti one s većim utjecajem (Malik i sur., 2014.). Za uspješan odabir visokorodnih genotipova treba poznavati povezanost između komponenti prinosa i samog prinosa sjemena, kao i odnos između komponenti prinosa i promjena pojedinih komponenti pod utjecajem okoliša (Vratarić i Sudarić, 2008.).

Kobraee i Shamsi (2011.) su istraživanjem zaključili kako svojstvo broja zrna po biljci u stresnim uvjetima ima najveći direktan utjecaj na prinos.

Prema Maliku (2011.) kultivari soje ranih grupa dozrijevanja pružaju mogućnost izbjegavanja sušnih perioda uz ostvarenje zadovoljavajućeg prinosa.



## 1.2. Cilj istraživanja

### 1.2.1. Hipoteza

Analizirani genotipovi će prema svojim morfološkim i agronomskim svojstvima pokazati genetsku raznolikost te će na osnovu navedenih svojstava doći do grupiranja genotipova na temelju kojih će se moći odabrati oni koji su pogodni za razvoj nove genetske varijabilnosti.

### 1.2.2. Ciljevi istraživanja

1. procijeniti vrijednosti morfoloških svojstava za utvrđivanje kriterija različitosti genotipova u postupku DUS (Distinctness, Uniformity and Stability) ispitivanja za priznavanje i zaštitu novih sorti soje
2. procijeniti genetsku varijabilnost germplazme soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava
3. identificirati genotipove nositelje određenih agronomskih svojstava i izabrati superiorne za buduća križanja.

## 2. MATERIJAL I METODE RADA

### 2.1. Biljni materijal

Istraživanja su provedena na 74 genotipa soje (tablica 1. i tablica 2.) od kojih je 39 činilo cjelokupnu Sortnu listu Republike Hrvatske (SLRH) u trenutku kada se započelo s istraživanjem (u travnju, 2015.). Jedan genotip je bio kandidat za priznavanje, a po završenom ispitivanju je priznat i uključen u SLRH. Dodatna 34 genotipa su odabrana iz DUS-referentne kolekcije soje, a nalazila su se na Zajedničkom katalogu sorata poljoprivrednih biljnih vrsta Europske unije (Common Catalogue - CC), odnosno služe kao genotipovi primjeri u DUS ispitivanju. Referentna kolekcija soje koja se koristi u DUS ispitivanju u pravilu treba obuhvaćati sve genotipove koji se nalaze u proizvodnji u RH kao i sve dostupne koji su se nekad proizvodili, druge opće poznate genotipove, genotipove koji potječu iz drugih zemalja sličnih klimatskih uvjeta, ostale genotipove koji se nalaze u postupku priznavanja te genotipove primjere iz UPOV-ih (tablica 1.) i CPVO-vih vodiča.

Tablica 1. Genotipovi soje kao primjeri prema UPOV-om vodiču

R.br.	Sorta	Grupa zriobe*	Zemlja porijekla
1.	PARADIS	000-00	Švicarska
2.	GOLDOR	0-I	Francuska
3.	APACHE	0	Kanada
4.	ESSOR	00	Kanada
5.	QUITO	00	SAD
6.	IMARI	II	SAD
7.	SAPORO	II	SAD

\*- lokacija Osijek – DUS pokusi

Ispitivani genotipovi potječu iz devet zemalja: Austrije (1), Kanade (15), Hrvatske (25), Češke (1), Francuske (6), Mađarske (5), Srbije (11), Švicarske (3) i SAD-a (7). Podatak da se radi o genotipovima koji su upisani na neku od sortnih lista znači da su svi genotipovi prethodno ispitani i potvrđeni u službenim pokusima tj. da je materijal dobre adaptabilnosti i prinosa s rasponom od vrlo ranih do kasnih.

Tablica 2. Popis genotipova, grupa zriobe i zemlja porijekla prema dostupnim podacima

R.Br.	Sorta	Grupa zriobe*	Zemlja porijekla	R.Br.	Sorta	Grupa zriobe*	Zemlja porijekla
1.	JOSEFINE	0	Austrija	35.	CARDIFF	0	Kanada
2.	RITA	0	Češka	36.	CORBETT	0-I	Kanada
3.	AMPHOR	0	Francuska	37.	CORDOBA	0	Kanada
4.	COLOR	0	Francuska	38.	GALA PZO	0-I	Kanada
5.	DACCOR	0	Francuska	39.	KENT	0	Kanada
6.	SATYNA	0	Francuska	40.	LAMBTON	0	Kanada
7.	SEPIA	0	Francuska	41.	MERLIN	0	Kanada
8.	ANA	II	Hrvatska	42.	NAYA	0	Kanada
9.	BUGA	0	Hrvatska	43.	OAC ERIN	000-00	Kanada
10.	EMA	0-I	Hrvatska	44.	OAC WALLACE	0	Kanada
11.	GABRIELA	0	Hrvatska	45.	PROTINA	0	Kanada
12.	HRVATICA	I-II	Hrvatska	46.	ALIZ	I	Mađarska
13.	IKA	0-I	Hrvatska	47.	BOBITA	0-I	Mađarska
14.	JANA	0	Hrvatska	48.	BOLYI 44	0	Mađarska
15.	JULIJANA	0-I	Hrvatska	49.	KG EDEN	0	Mađarska
16.	KORANA	0	Hrvatska	50.	KURCA	0	Mađarska
17.	LUCIJA	0	Hrvatska	51.	ALTAPRO	0	SAD
18.	MARA	0	Hrvatska	52.	MINNPRO	0	SAD
19.	OS-17-13	0-I	Hrvatska	53.	PR92B63	II	SAD
20.	RUŽICA	I-II	Hrvatska	54.	PRIMAPRO	0	SAD
21.	SANDA	0-I	Hrvatska	55.	ALISA	0-I	Srbija
22.	SANJA	0	Hrvatska	56.	ANA NS	I-II	Srbija
23.	SARA	I	Hrvatska	57.	BALKAN	0-I	Srbija
24.	SEKA	I-II	Hrvatska	58.	DUKAT	I	Srbija
25.	SONJA	II	Hrvatska	59.	GALINA	0	Srbija
26.	TENA	0-I	Hrvatska	60.	JULIJA	0	Srbija
27.	TISA	II	Hrvatska	61.	MERKUR	0	Srbija
28.	TOMA	0	Hrvatska	62.	NEOPLANTA	0-I	Srbija
29.	VITA	0-I	Hrvatska	63.	PROTEINKA	0	Srbija
30.	ZAGREPČANKA	0	Hrvatska	64.	TEA	I-II	Srbija
31.	ZLATA	I-II	Hrvatska	65.	VENERA	I-II	Srbija
32.	ZORA	0-I	Hrvatska	66.	GALLEC	0	Švicarska
33.	ANGELA PZO	I-II	Kanada	67.	IDEFIX	0	Švicarska
34.	BRISTOL	0	Kanada				

\*- lokacija Osijek – DUS pokusi

## 2.2. Poljski pokusi

Poljski pokus (slika 1.) je postavljen na pokusnom polju Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu (HAPIH) - Centra za sjemenarstvo i rasadničarstvo na lokaciji Osijek (N 45°33', E 18°40') tijekom dviju uzastopnih vegetacijskih sezona 2015. i 2016. godine. Poljski pokus se sastojao od dva dijela. Prvi dio pokusa sadržavao je parcelice koje su se sastojale od 4 reda s međurednim razmakom od 50 cm, dužine 5 m s razmakom sjetve u redu od 5 cm. Ove parcelice korištene su za ocjenu 25 od 26 promatranih svojstava. Parcelice su sijane u dva ponavljanja prema blok metodi sa slučajnim rasporedom varijanti, a za ocjenu su korištena dva srednja reda.

Drugi dio pokusa činile su parcelice za ocjenu tipa rasta biljaka. Parcelice su se također sastojale od 4 reda s međurednim razmakom od 50 cm, dužine 5 m, ali s razmakom sjetve u redu od 10 cm. Iako je prema UPOV-om vodiču preporuka za ovo svojstvo parcelice postaviti u tri ponavljanja, za potrebe su se ovog istraživanja radi obima i prilagodbe posla postavila dva ponavljanja prema blok metodi sa slučajnim rasporedom varijanti. Za ocjenu su se također koristila dva srednja reda. Tako je na prvom dijelu pokusa u parcelicama za promatranje bilo uključeno 200 biljaka po ponavljanju, a na parcelicama za ocjenu tipa rasta 100 biljaka po ponavljanju.

Time su osigurani uvjeti za minimalan broj biljaka sukladno UPOV-im preporukama. U vegetacijskoj 2015. i 2016. godini je ukupno zasijano osam parcelica po genotipu odnosno 1200 biljaka.



Slika 1. Poljski pokusi u 2016. godini na pokusnom polju HAPIH-a, CSR – (foto original; I. Varnica)

## 2.2.1. Klimatski uvjeti

Klimatski podaci za područje Osijeka prema Köppenovoj klasifikaciji klime imaju oznaku Cfb - umjereno toplu vlažnu klimu s toplim ljetom (Penzar i Penzar, 2000.). Prema Thornthwaiteovoj klasifikaciji klime temeljenoj na odnosu količine vode potrebne za potencijalnu evapotranspiraciju i oborinske vode u najvećem dijelu nizinskog kontinentalnog dijela Hrvatske prevladava humidna klima, a samo u istočnoj Slavoniji subhumidna klima (DHMZ). Podaci o vremenu za vegetacijski period soje (travanj - rujan) tijekom razdoblja ispitivanja (2015. – 2016.) i višegodišnji prosjek (VP, 1899. – 2015.) za područje Osijeka prikazani su u tablici 3 (DHMZ, 2017.).

Tablica 3. Srednja mjesečna temperatura zraka (°C) i ukupna količina oborina (mm) za vegetacijske godine 2015. i 2016. te višegodišnji prosjek (VP) za pokusnu lokaciju Osijek

Mjesec/Godina	Srednja mjesečna temperatura zraka (°C)			Ukupna količina oborina (mm)		
	2015.	2016.	VP	2015.	2016.	VP
Travanj	12,1	13,1	11,5	13	40	58
Svibanj	17,8	16,5	16,6	113	63	71
Lipanj	20,8	21	19,8	17	100	82
Srpanj	24,6	22,8	21,7	26	111	60
Kolovoz	23,7	20,6	20,9	106	72	59
Rujan	17,9	18,1	16,7	41	43	56
Prosijek/Ukupno*	19,5	18,7	17,9	316*	428*	386*

U 2015. godini prosječna temperatura zraka tijekom vegetacijske sezone bila je za 1,6 °C viša u odnosu na VP. Temperatura i oborine su imale nepovoljnu raspodjelu posebno tijekom intenzivnog rasta biljaka i nalijevanja zrna soje. Prema raspodjeli percentila toplinske su prilike za travanj u 2015. godine svrstane u kategoriju normalno, svibanj, lipanj i rujana u kategoriju toplo, a srpanj i kolovoz u kategoriju ekstremno toplo. Prema analizi raspodjele percentila za količinu oborina u 2015. travanj je svrstan u kategoriju vrlo sušno, svibanj u kategoriju vrlo kišno, lipanj u kategoriju ekstremno sušno, srpanj u kategoriju sušno, kolovoz u kategoriju kišno i rujana u kategoriju normalno (DHMZ).

Najveće razlike u prosječnim mjesečnim temperaturama u 2015. godini u odnosu na VP zabilježene su u srpnju (+2,9° C) i kolovozu (+3,1° C). Iste godine u travnju (-45 mm), lipnju (-65 mm) i srpnju (-34 mm) ukupne mjesečne oborine bile su značajno niže u odnosu na vrijednosti VP. To ukazuje da su u vegetacijskoj sezoni 2015. prevladavali vrlo stresni uvjeti uzgoja.

U vegetacijskoj 2016. godini varijacija prosječnih mjesečnih temperatura u odnosu na VP bila je manje izražena. U odnosu na VP, sezona 2016. imala je za 0,8 °C višu prosječnu temperaturu. Količina oborina u razdoblju travanj - rujan 2016. bila je 428 mm ili 42 mm iznad VP i 112 mm viša u odnosu na sezonu 2015. Prema raspodjeli percentila toplinske su prilike za travanj, lipanj i rujan u 2016. godini svrstane u kategoriju toplo, svibanj i kolovoz u kategoriju normalno, a srpanj u kategoriju vrlo toplo. Prema analizi raspodjele percentila za količinu oborina u 2016. travanj, svibanj, lipanj, kolovoz i rujan su svrstani u kategoriju normalno, a srpanj u kategoriju kišno.

### 2.2.2. Pedološki uvjeti

Na području Centra za sjemenarstvo i rasadničarstvo (HAPIH) u Osijeku gdje su postavljeni pokusi prema pedološkoj karti Hrvatske (Martinović, 2000.) nalazi se eutrično smeđe tlo dobre dreniranosti, osrednjeg vodnog kapaciteta i povoljnog zračnog režima. Teksturna oznaka tla prema mehaničkom sastavu oraničnog sloja je praškasta ilovača gdje je udio čestica pijeska 2,80 %, udio čestica praha 71,31 %, a udio čestica gline 25,89 %.

Prema analizi tla za 2015. godinu sadržaj humusa iznosi 1,66 %, sa slabo kiselom do neutralnom reakcijom (pH-KCl - 6,7), prema prosječnoj vrijednosti fiziološki aktivnog fosfora tlo je dobre opskrbljenosti (22,9 mg P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> / 100 g tla), dok je prosječna opskrbljenost fiziološki aktivnim kalijem dobra do visoka (26,8 mg K<sub>2</sub>O / 100 g tla).

U 2016. godini prema analizi tla sadržaj humusa iznosi 1,57 %, s neutralnom reakcijom (pH-KCl – 7,19), prema prosječnoj vrijednosti fiziološki aktivnog fosfora tlo je visoke opskrbljenosti (28 mg P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> / 100 g tla), dok je prosječna opskrbljenost fiziološki aktivnim kalijem dobra (24 mg K<sub>2</sub>O / 100 g tla).

### 2.2.3. Primijenjena agrotehnika

U obje je godine ispitivanja kao pretkultura uzgajana ozima pšenica. Tijekom istraživanja primijenjena agrotehnika je također bila jednaka. Osnovna obrada tla obavljena je u jesen, oranjem na dubinu od 30 – 35 cm uz osnovnu gnojidbu zaoravanjem 300 kg/ha NPK 7:20:30 te 100 kg/ha uree. Tijekom ožujka je obavljeno zatvaranje zimske brazde, a sama predsjetvena priprema je obavljena sjetvospremačem u dva prohoda uz gnojidbu sa 70 kg/ha KAN-a. Sjetva pokusa je obavljena četverorednom pneumatskom sijačicom

Wintersteiger tipa Toolcarier 2700 na dubinu 4 - 6 cm s međurednim razmakom od 50 cm. Dužina parcela tijekom sjetve je iznosila 6 m, a iste su u fazi prve troliske skraćene na konačnu dužinu od 5 m. Sjetva pokusa obavljena je 17. travnja 2015. i 13. travnja 2016. godine kada su po godinama nastupile povoljne vremenske i pedološke prilike. U pripremi sjemena za sjetvu nisu korišteni preparati s kvržičnim bakterijama. Nakon sjetve, a prije nicanja obavljena je herbicidna zaštita pokusa s herbicidom aktivne tvari (70 %) metribuzin u količini od 0,4 kg/ha u kombinaciji s herbicidom s aktivnom tvari (96 %) S-metolaklor u količini od 0,8 l/ha. U fazi prve do druge troliske obavljena je međuredna kultivacija nakon čega su pokusi održavani ručnim plijevljenjem i okopavanjem po potrebi. Tretmani pokusa protiv bolesti i štetnika nisu provedeni, jer za iste nije bilo potrebe.

### 2.3. Analiza morfoloških i agronomskih svojstava

Ocjena morfoloških svojstava se obavila sukladno UPOV-om vodiču kojim su definirani stadiji ocjenjivanja, rasponi ocjena te genotipovi primjeri koje pomažu pri definiranju ekspresije promatranih svojstava. Stadiji za ocjenjivanje su definirani prema BBCH (*Biologische Bundesanstalt, Bundessortenamt und Chemische Industrie*) ključa za soju (Meier, 1997.). Prema vodiču predloženo je 20 svojstava za izvođenje DUS pokusa, no u ovom istraživanju je provedeno ocjenjivanje 19 svojstava. Svojstvo intenzitet obojenosti hipokotila antocijanom je izostavljeno radi velike podložnosti svojstva vanjskim čimbenicima.

Tijekom vegetacije u polju je analizirano 12 morfoloških svojstava, a to su: obojenje hipokotila antocijanom (H-ac), tip rasta biljke (B-tr), habitus (B-hb), boja dlačica (B-bd), naboranost lista (L-nb), oblik lateralne liske (L-oll), veličina lateralne liske (L-vll), intenzitet zelene boje lista (L-izb), boja cvijeta (C-b), vrijeme početka cvjetanja (B-pcv), intenzitet smeđe boje mahune (M-isb) te vrijeme dozrijevanja (B-vdz). Po dozrijevanju biljaka soje na osnovnim se parcelicama iz dva srednja reda obavilo ručno skidanje biljaka. Mjerenja su obavljena na 10 biljaka po ponavljanju. Za svaku biljku je izmjerena visina (B-vs, cm) (visina glavne stabljike od razine tla do vrha biljke) te broj mahuna po biljci (BMB). Potom je svaka biljka ovršena posebno vršalicom tipa Wintersteiger LD 350 (slika 2). Na dobivenim uzorcima soje obavljeno je brojanje zrna po biljci (BZB) te je izmjerena masa svakog uzorka po biljci (MZB, g). Iz navedenih mjerenja izračunata je prosječna masu tisuću zrna (MTZ, g) i prosječan broj zrna po mahuni (BZPM).

Tablica 4a. Morfološka svojstva prema UPOV-om TG/80/06.

R. br.	UPOV br.	Stadij	Svojstvo	Genotipovi primjeri	Ocjena
1.	1.	10	<b>Hipokotil: obojenje antocijanom</b>		
	(*)		odsutno	Chandor, Goldor	1
	(P)		prisutno	Alaric, Apache, Imari	9
2.	3.		<b>Biljka: Tip rasta</b>		
	(*)		determinirani	Gnome, Spot, Fiskeby	1
	(P)		polu-determinirani	Alaric, Alba, Silvia, Paradis	2
			polu-determinirani do indeterminirani	Chandor, Kador	3
			indeterminirani		4
3.	4.	66	<b>Biljka: habitus</b>		
	(P)		uspravan		1
			uspravan do polu-uspravan	Tirol, Queen, Essor, Labrador	2
			polu-uspravan	Chandor, Apache, Paoki	3
			polu-uspravan do horizontalan	Alaric, Major, Sapporo	4
			horizontalan		5
4.	5.	65-85	<b>Biljka: boja dlačica stabljike (srednja trećina)</b>		
	(*)		siva	Apache, Alaric, Talon, Imari	1
	(P)		smeda	Maple Glen, Chandor, Paoki, Agata	2
5.	6.	85	<b>Biljka: visina</b>		
	(*)		niska	Carla, Paradis, Spot	3
	(P)		niska do srednja	Trump, Essor	4
			srednja	Alaric, Chandor	5
			srednja do visoka	Kador	6
			visoka	Tirol, Toréador	7
6.	7.	65	<b>List: naboranost</b>		
	(P)		odsutna ili vrlo slaba	Bayou, Arpège, Chandor	1
			slaba	Kador, Quito	3
			srednja	Paoki, Imari	5
			jaka	Matador	7
			vrlo jaka		9
7.	8.	65	<b>List: oblik lateralne liske</b>		
	(*)		lanceolatan (kopljast)	Toréador, Dumas, Trésor	1
	(P)		trokutast	Contessa	2
			ovalan s izraženim vrhom	Kador, Major, Apache, Talon	3
			potpuno ovalan	Paoki, Agata, Chandor	4

(\*) - svojstva koja su obvezna u izvođenju DUS pokusa

(P) - svojstva koja se ocjenjuju u polju

(L) - svojstva koja se ocjenjuju u laboratoriju

(KL) - svojstva koja se ocjenjuju u kemijskom laboratoriju



Tablica 4b. Morfološka svojstva prema UPOV-om TG/80/06.

R. br.	UPOV br.	Stadij	Svojstvo	Genotipovi primjeri	Ocjena	
8.	9.	65	<b>List: veličina lateralne liske</b>			
			(P)	mala	Trump, Labrador, Baron, Arcade	3
				srednja	Alaric, Kushiro, Talon	5
			velika	Williams	7	
9.	10.	65	<b>List: intenzitet zelene boje</b>			
			(P)	slabi intenzitet	Chandor, Arcade, Junior	3
				srednji intenzitet	Alaric, Apache, Imari	5
			jaki intenzitet	Spot. Cresir, Jedor, Ardir	7	
10.	11.	66	<b>Cvijet: boja</b>			
			(*)	bijela	Chandor, Crésir, Toréador	1
	(P)		ljubičasta	Fransoy 242, Imari, Apache, Queen	2	
11.	12.	85	<b>Mahuna: intenzitet smeđe boje</b>			
			(P)	slabi intenzitet	Chandor, Contessa, Alba, Arcade	3
				srednji intenzitet	Alaric, Apache, Fuji, Paoki	5
			jaki intenzitet	Toréador, Tirol, Royal	7	
12.	13.	89	<b>Sjeme: veličina zrna</b>			
			(L)	mala	Alba, Aurélia, Flusk GT 512	3
				srednja	Queen, Goldor	5
			velika	Clédor, Cervin, Mondor	7	
13.	14.	89	<b>Sjeme: oblik zrna</b>			
			(L)	okruglast	Paoki, Valkir, Niva	1
				okruglasto spljošten	Queen, Sapporo, Clédor	2
				izdužen	Soleo, Talon, Excel, Recor	3
			izduženo spljošten		4	
14.	15.	89	<b>Sjeme: boja sjemenske ljuske (bez hiluma)</b>			
			(*)	žuta	Queen, Paoki	1
			(L)	žuto zelena		2
				zelena		3
				svjetlo smeđa		4
				svjetlo do tamno smeđa		5
				tamno smeđa		6
	crna		7			

(\*) - svojstva koja su obvezna u izvođenju DUS pokusa

(P) - svojstva koja se ocjenjuju u polju

(L) - svojstva koja se ocjenjuju u laboratoriju

(KL) - svojstva koja se ocjenjuju u kemijskom laboratoriju

Tablice 4c. Morfološka svojstva prema UPOV-om TG/80/06.

R. br.	UPOV.br.	Stadij	Svojstvo	Genotipovi primjeri	Ocjena
15.	16. (KL)	89	<b>Sjeme: obojenje sjemenske ljuske obzirom na peroksidaznu aktivnost</b>		
			odsutno	Bragg	1
			prisutno	Hood, Hood 75	2
16.	17. (* (L)	89	<b>Sjeme: boja hiluma</b>		
			siva	Spot, Major, Apache	1
			žuta	Maple Arrow, Imari, Talon	2
			svjetlo smeđa	Kingsoy, Argenta, Baron, Opale	3
			tamno smeđa	Fransoy 242, Aurélia, Léman	4
			nepotpuna crna	Wells, Kador, Folio	5
			crna	Chandor, Queen, Paoki	6
17.	18. (L)	89	<b>Sjeme: boja funikule hiluma</b>		
			jednaka kao sjemenska ljuska	Queen	1
			različita od boje sjemenske ljuske	Gieso	2
1.8	19. (* (P)	89	<b>Biljka: početak cvatnje (50 % biljaka s najmanje jednim otvorenim cvjetom)</b>		
			vrlo rano	Sito, Trump, Carla, Paradis	1
			vrlo rano do rano	Labrador, Essor, Arcade	2
			rano	Canton, Queen, Imari	3
			rano do srednje	Kador, Alaric, Niva	4
			srednje	Williams	5
			srednje do kasno		6
			kasno		7
			kasno do vrlo kasno		8
			vrlo kasno		9
19.	20. (* (P)	89	<b>Biljka: vrijeme dozrijevanja</b>		
			vrlo rano	Trump, Soléo, Kola, Carla, Paradis	1
			vrlo rano do rano	Chandor, Apache, Labrador	2
			rano	Canton, Queen, Paoki, Aurélia	3
			rano do srednje	Kador, Kingsoy, Alaric, Niva	4
			srednje	Williams	5
			srednje do kasno		6
			kasno		7
			kasno do vrlo kasno		8
			vrlo kasno		9

(\*) - svojstva koja su obvezna u izvođenju DUS pokusa

(P) - svojstva koja se ocjenjuju u polju

(L) - svojstva koja se ocjenjuju u laboratoriju

(KL) - svojstva koja se ocjenjuju u kemijskom laboratoriju



Slika 2. Vršalica Wintersteiger LD 350 – (foto original; I. Varnica)

Nakon brojanja i vaganja svakog uzorka po biljci, sjeme je korišteno za ocjenu šest morfoloških svojstava na zrnju, a to su: veličina zrna (S-vz), oblik zrna (S-oz), boja teste (S-blj), boja hiluma (S-bh), boja funikule hiluma (S-bf) te bojenje sjemenske ovojnice s obzirom na peroksidaznu aktivnost (S-opr). Koncentracija bjelančevina (SP) i ulja (SU) u zrnju je određena na uređaju Foss Infratec 1241 Grain Analyzer i izražena je u postotku na bazi apsolutno suhe tvari (AST). Analiza se temelji na nedestruktivnoj metodi bliske infracrvene transmisije (NIT). Glavni sastojci zrna apsorbiraju elektromagnetsko zračenje u području bliskog infracrvenog spektra, a mjerenjem količine transmitiranog zračenja i matematičkom obradom spektralnih podataka određen je udio pojedinih tvari u zrnju.

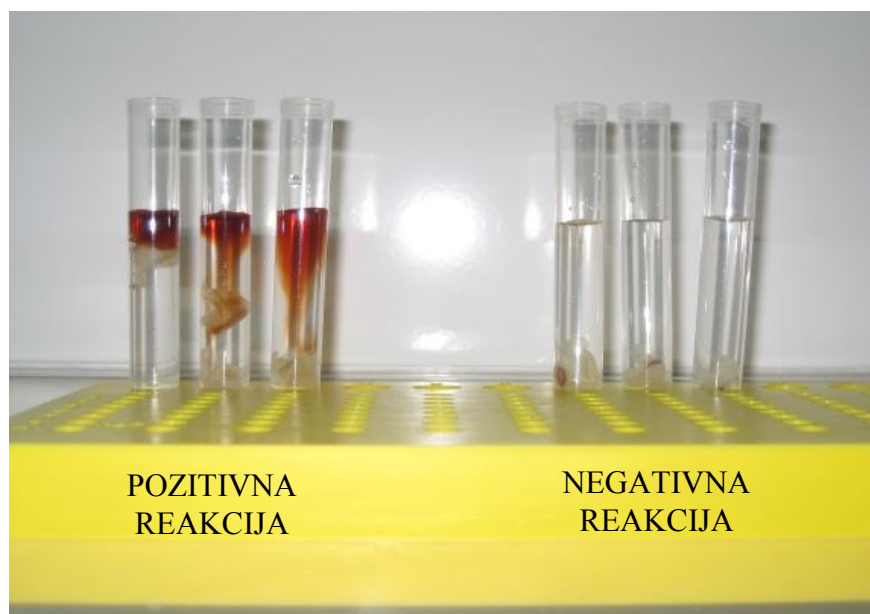
Visina stabljike se za potrebe DUS opisa transformira u kategorije prema DUS vodiču. Za ovo je svojstvo predloženo 5 kategorija, kratka stabljika, kratka do srednja, srednja, srednja do visoka i visoka stabljika. Vodičem su predviđeni genotipovi primjeri prema kojima se određuju pripadajući razredi kako bi ocjenjivanje bilo što ujednačenije među korisnicima. U ovom istraživanju kao primjer za kratke stabljike korišten je genotip Paradis, a genotip Essor kao primjer za kratku do srednju stabljiku. Konačne ocjene su određene prosjekom razreda za ispitivanja u 2015. i 2016. godini.

Početak cvatnje soje svojstvo je koje bilježimo u trenutku kada se na 50 % biljaka otvori barem jedan cvijet. Prema UPOV-om vodiču ovo je svojstvo podijeljeno na devet kategorija od vrlo ranih do vrlo kasnih. Vodičem su predviđeni genotipovi primjeri prema

kojima možemo odrediti kategorije kako bi ocjenjivanje bilo ujednačeno. U ovom smo istraživanju kao primjer za vrlo rane imali genotip Paradis, zatim Essor kao primjer za vrlo rane do rane te Imari kao primjer za rane genotipove. Početak cvatnje je za potrebe ovog ispitivanja određen kao broj dana od nicanja do trenutka kada se na 50 % biljka otvorio barem jedan cvijet, koji se potom transformirao u kategorije prema DUS vodiču. Uz genotipove primjere konačne su ocjene određene prosjekom razreda za ispitivanja u 2015. i 2016. godini.

Vrijeme dozrijevanja soje svojstvo je koje smo mjerili u danima od nicanja do trenutka kada je 95 % mahuna zrelo. Prema UPOV-om vodiču ovo je svojstvo podijeljeno u devet kategorija od vrlo ranih do vrlo kasnih. Vodičem su predviđeni genotipovi primjeri prema kojima možemo odrediti vrijeme dozrijevanja, a u ovom smo istraživanju kao primjer za vrlo rani imali genotip Paradis te Apache kao primjer za vrlo rane do rane genotipove. Uz genotipove primjere, vrijeme dozrijevanja se transformiralo u kategorije prema DUS vodiču, a konačne su ocjene određene prosjekom razreda za ispitivanja u 2015. i 2016. godini.

Svojstvo bojenja sjemenske ovojnice s obzirom na peroksidaznu aktivnost je ispitano u kemijskom laboratoriju HAPIHA-a Centra za sjemenarstvo i rasadničarstvo. Da bi sjemenska ljuska pažljivo bila odvojena od kotiledona sjeme je namočeno u vodu tijekom 2 sata. Nakon odvajanja sjemenskih ljuski od kotiledona iste su stavljene u malene cjevčice ili jažice, svaku odvojeno. Potom je u svaku dodano 3 do 4 cm<sup>3</sup> 0,5 % otopine Guayacol-a. Nakon 10 minuta uzorku s Guayacol-om dodana je jedna kap 0,1 % otopine H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Ukoliko nakon dodavanja H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> dođe do promjene boje u smeđu ili tamno crvenu očitava se pozitivna reakcija. Ukoliko ne dođe do promjene boje, reakcija se smatra negativnom (slika 3). Za izvođenje ove ocjene bitno je napomenuti da se ocjenjivanje mora napraviti unutar 60 sekundi od dodavanja vodikovog peroksida kako ne bi došlo do krivog očitavanja reakcije. Prilikom izvođenja ovog postupka bili su uključeni genotipovi poznate reakcije.



Slika 3. Peroksidazna aktivnost – (foto original; HAPIH)

Po dozrijevanju na parcelicama za ocjenu tipa rasta u polju je obavljeno brojanje nodija za analizu tipa rasta. Ovo svojstvo ocjenjeno je na sljedeći način: početkom cvjetanja biljke kada je otvoren jedan cvijet na bilo kojem nodiju biljke, vršni je nodij označen vezicom. U punoj je zriobi obavljeno brojanje nodija između postavljene oznake i vrha biljke. Prosječan broj nodija po genotipu je uspoređen s prosječnim brojem nodija ostalih genotipova među kojima su i genotipovi primjeri za tip rasta. Na temelju dobivenih rezultata mjerenja obavljeno je grupiranje ispitivanih genotipova u determinirane, polu-determinirane, polu-determinirane do indeterminirane i indeterminirane.

#### 2.4. Statistička analiza podataka

Kategorijske varijable (morfološka svojstva) su prikazane apsolutnim i relativnim učestalostima (%). Razlike u učestalostima pojedinih ocjena za svako ispitivano svojstvo ispitano je  $\chi$ -kvadrat testom. U slučajevima kada je učestalost pojedine ocjene bila niža od 5 korišten je Fisherov egzaktni test. Sve P vrijednosti su dvostrane.

Za ocjene 19 morfoloških svojstava izračunat je Shannonov indeks raznolikosti (Perry i McIntosh, 1991.), s ciljem utvrđivanja razine morfološke različitosti ispitivanog materijala i utvrđivanja varijabilnosti svojstava. Shannonov indeks izračunat je prema sljedećoj formuli:

$$H' = - \sum_{i=1}^n -P_i \log_2 P_i$$

gde je  $n$  - broj nominalnih kategorija svojstva i  $P_i$  - proporcija genotipova u  $i$ -toj nominalnoj kategoriji svojstva. Normalizacija  $H'$  je izvršena dijeljenjem s maksimalnom vrijednošću ( $\log_2 n$ ), kako bi sve vrijednosti indeksa bile u intervalu od 0 do 1 (Perry i McIntosh, 1991.). Za procjenu razlikovne vrijednosti morfoloških svojstava u izvornoj matrici ocjenjenih vrijednosti napravljena je analiza glavnih sastavnica PCA (eng. *Principal Component Analysis* – PCA) uz pomoć računalnog programa NTSYS-pc 2.10s (Rolf, 2005). Vrijednosti stanja svojstava određene su diskretnim vrijednostima odnosno cijelim brojevima, svaki genotip posjeduje jednu nominalnu kategoriju određenog morfološkog svojstva (Prilog 2). Ovom se metodom uklanjaju međuodnosi komponenata te se sažima set podataka čime se veći broj međusobno povezanih varijabli pretvara u manji broj umjetno stvorenih i međusobno nezavisnih. Na temelju izračunate matrice korelacija između svojstava izračunate su svojstvene vrijednosti i vektori. Na temelju ispitivanih svojstava i genotipova u koordinatnom je sustavu s osima glavnih sastavnica generiran 2D biplot. U vektorskom su prikazu morfoloških svojstava korištene prve tri glavne sastavnice (PC1, PC2 i PC3). Glavne sastavnice su skalirane kako bi vrijednosti bile simetrično raspodijeljene među promatranim svojstvima. U koordinatnom sustavu izračunata točka svojstva predstavlja vektor udaljen od središta koje predstavlja prosječnu vrijednost svih svojstava (Delacy i sur., 2000.). Duljina i kut vektora proporcionalna je koliko isti objašnjava dobiveni model. Svojstva s najvećim pozitivnim i negativnim vrijednostima na osima daju najveći doprinos raznolikosti i najbolje diferenciraju genotipove (Malik i sur., 2014.). Varijabilnost morfoloških svojstava u ispitivanom setu genotipova soje prikazana je dijagramom paralelnih koordinata.

Podaci su sistematizirani po godinama na razini srednje vrijednosti ponavljanja za svaki genotip. Za ispitivanje normalnosti raspodjele numeričkih varijabli (agronomska svojstva) korišten je Shapiro-Wilkov test, a varijable koje nisu ispunjavale parametrijske pretpostavke su transformirane pomoću *square root* transformacije. Za svojstva SP i SU je utvrđeno odstupanje od normalne raspodjele te su ista transformirana pomoću *square root* transformacije, čime su se ispunili uvjeti parametrijskih pretpostavki, a potom se pristupilo analizi varijance. Svojstva BDC i BDZ i nakon transformacije su odstupala od normalne raspodjele te im varijance nisu bile homogene zbog čega su spomenute varijable analizirane pomoću neparametrijskog Kruskal Wallis testa.

Za sva agronomska svojstva su izračunani sljedeći parametri: aritmetička sredina ( $\bar{x}$ ), standardna devijacija ( $\sigma^2$ ), standardna pogreška aritmetičke sredine ( $s_{\bar{x}}$ ) i koeficijent varijacije (CV).

Različitosti genotipova u agronomskim svojstvima su ispitana jednosmjernom analizom varijance, a prosječne vrijednosti po genotipovima ispitane su LSD (*Least Significant Difference*) testom ( $p < 0,05$ ).

Veza između svih agronomskih svojstava ispitana je Pearsonovim koeficijentom korelacije.

Ispitivani genotipovi soje grupirani su s obzirom na vrijednosti morfoloških, agronomskih i agromorfoloških svojstava hijerarhijskom klaster analizom i grafički su prikazani horizontalnim dendrogramom. Matrica udaljenosti genotipova napravljena je na temelju vrijednosti euklidske udaljenosti izračunate prema Roland-Ruiz i sur. (2001.) u računalnom programu STAR 2.0.1 (*Statistical Tool for Agricultural Research*). Izračunate vrijednosti udaljenosti analiziranih genotipova grupirane su neponderiranom metodom za sparivanje skupina na temelju prosječnih vrijednosti (eng. *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* – UPGMA).

Diskriminantnom analizom utvrđena su ona agromorfološka svojstva koja najviše determiniraju grupnu pripadnost pojedinog genotipa soje. Diskriminantna se analiza primjenjuje kada su klasifikacijske grupe jasno *a priori* definirane prije analize. Ova metoda uključuje i predikciju uspješnosti klasifikacije genotipa u grupe kao i pronalaženje one varijable odnosno više njih koje najviše pridonose klasifikaciji. Pripadnost nekog genotipa određenoj grupi može se procijeniti na temelju udaljenosti vektora njegovih rezultata na diskriminacijskim funkcijama od centroida svake pojedine grupe. Što je udaljenost od centroida grupe manja to je veća vjerojatnost da genotip pripada toj grupi. Centroid je vektor aritmetičkih sredina dviju ili više varijabli. Statistička značajnost razlika između centroida grupa testira se putem koeficijenta Wilksove lambde (*Wilks'  $\lambda$* ) koji se kreće u intervalu od 0 do 1. Što je vrijednost Wilksove lambde manja to je veća vjerojatnost da je razlika između centroida grupa statistički značajna. Diskriminantna funkcija linearna je kombinacija diskriminatorskih varijabli koje se izračunavaju uz uvjet da je udaljenost centroida grupa što je moguće veća i uz uvjet da su međusobno potpuno linearno nezavisne. Grupe su to bolje diskriminirane što se manje njihovi objekti preklapaju. Broj grupa određen je brojem kategorija u kategorijskoj ili klasifikacijskoj varijabli, a u ovom je istraživanju broj grupa predstavljen varijablom ocjene broja dana do zriobe. Metoda određivanja udaljenosti je riješena određivanjem Mahalanobisove udaljenosti. Za uvid u odnose varijabli provedena je kanonička i korelacijska analiza temeljena na izračunu ukupnog broja mjerenih varijabli manje jedna, čime je dobiven određen broj nezavisnih, ortogonalnih diskriminacijskih

funkcija od kojih svaka daljnja doprinosi razlikovanju sve manje i manje. Za potrebe razumijevanja doprinosa agromorfoloških svojstava u diskriminaciji duž kanoničkih osi, izračunati su koeficijenti svih kanoničkih osi i svih varijabli, a matrica je standardizirana kako bi skale različitih svojstava bile usporedive. Koeficijent kanoničke diskriminacije (R<sub>cj</sub>) je mjera diskriminacijske moći odgovarajuće diskriminacijske funkcije, a predstavlja korelaciju diskriminacijske funkcije s klasifikacijskom varijablom odnosno varijablom koja određuje pripadnost objekata grupama. Koeficijenti kanoničke diskriminacije se kreću u intervalu od 0 do 1. Što je koeficijent kanoničke diskriminacije veći, to znači da pripadajuća diskriminacijska funkcija bolje razlikuje grupe. Statistička značajnost funkcija testira se redom od prve do posljednje, a utvrdi li se da neka diskriminacijska funkcija nije statistički značajna, tada ni sve naredne diskriminacijske funkcije nisu statistički značajne. Nakon što je utvrđeno koja svojstva i u kojoj mjeri doprinose razlikovanju grupa duž pojedinih kanoničkih osi, izračunom kanoničkih srednjih vrijednosti (canonical means) utvrđena je priroda te diskriminacije za svaku os. Vjerojatnost pripadnosti određenog genotipa određenoj grupi pretpostavljena je na temelju rezultata diskriminacijske analize (*post hoc* ili *a-posteriori* klasifikacija), tj. genotipovi su dodijeljeni onoj grupi kojoj su se na temelju agromorfoloških svojstava pokazali najbližima, te je tako otkrivena i nepreciznost *a priori* determinacije grupa odnosno ocijenjenih razreda zriobe.

Ukupan broj promatranja u prikupljanju ocjena za ovo istraživanje za sva svojstva zajedno iznosio je 65 120 (74 sorte x 2 repeticije x 2 godine x 22 svojstva x 10 biljaka).



### 3. REZULTATI ISTRAŽIVANJA

#### 3.1. Rezultati analize morfoloških svojstava

Genetska različitost 74 genotipa određena je na temelju analize razlika u učestalostima zapaženih ocjena i indeksa genetske raznolikosti (Shannonov indeks) koristeći 19 morfoloških svojstava. Podaci kvalitativnih svojstava su prikazani u Prilogu 2. Shannonov je indeks važan pokazatelj varijabilnosti morfoloških karakteristika. Koristi se kao mjera raznovrsnosti za broj kategorija i uravnoteženosti istraživane populacije soje po kategorijama morfoloških svojstava. Niske vrijednosti upućuju na manjak genetske raznolikosti i neravnomjeran udio genotipova prema nominalnim kategorijama svojstava. Razlike u učestalostima zapaženih ocjena u odnosu na očekivane za svako ispitivano svojstvo ispitane su  $\chi$ -kvadrat i Fisherovim testom. U tablici 5 je prikazana raspodjela i udio genotipova prema morfološkim svojstvima, Shannonov indeks raznolikosti ( $H'$ ) za svako svojstvo i hi-kvadrat test ( $\chi^2$ ).

##### 3.1.1. Distribucija i varijabilnost morfoloških svojstava

U analizi distribucije i varijabilnosti morfoloških svojstava svi su genotipovi bili žute boje ljuske tj. ovo je svojstvo bilo monomorfno te nije korišteno u analizi. Na temelju  $\chi^2$  testa utvrđeno je da se dva svojstva (boja dlačica stabljike i vrijeme dozrijevanja) nisu značajno razlikovala u vrijednosti očekivanih i zabilježenih frekvencija te se može zaključiti da je istraživana populacija bila ujednačena po kategorijama za ta dva svojstva. Sva ostala svojstva nisu bila ujednačeno raspoređena po kategorijama što je vidljivo iz rezultata  $\chi^2$  (tablica 5) stoga možemo utvrditi da istraživana populacija genotipova soje nije odgovarala očekivanoj raspodjeli za ta svojstva.

Tablica 5a. Raspodjela i udio genotipova prema morfološkim svojstvima, Shannonov indeks raznolikosti ( $H'$ ) i hi-kvadrat test ( $\chi^2$ ).

UPOV br.	Svojstvo	Broj genotipova	Udio genotipova(%)	$H'$	$\chi^2$
1.	<b>Hipokotil: obojenje antocijanom (H-ac)</b>			0,73	26,16**
	odsutno	15	20,3		
	prisutno	59	79,7		
3.	<b>Biljka: Tip rasta (B-tr)</b>			0,40	95,38**
	polu-determinirani	1	1,4		
	polu-determinirani do indeterminirani	9	12,2		
	indeterminirani	64	86,5		
4.	<b>Biljka: habitus (B-hb)</b>			0,74	50,43**
	uspravan do polu-uspravan	16	21,6		
	polu-uspravan	43	58,1		
	polu-uspravan do horizontalan	14	18,9		
	horizontalan	1	1,4		
5.	<b>Biljka: boja dlačica stabljike (B-bd)</b>			0,99	0,22ns
	siva	39	52,7		
	žuto-smeđa	35	47,3		
6.	<b>Biljka: visina (B-vs)</b>			0,72	64,24**
	niska	2	2,7		
	niska do srednja	14	18,9		
	srednja	39	52,7		
	srednja do visoka	18	24,3		
	visoka	1	1,4		
7.	<b>List: naboranost (L-nb)</b>			0,88	24,11**
	slaba	12	16,2		
	slaba do srednja	22	29,7		
	srednja	26	35,1		
	srednja do jaka	12	16,2		
	jaka	2	2,7		
8.	<b>List: oblik lateralne liske (L-oll)</b>			0,52	80,78**
	trokutast	4	5,4		
	ovalan s izraženim vrhom	61	82,4		
	potpuno ovalan	9	12,2		
9.	<b>List: veličina lateralne liske (L-vll)</b>			0,79	44,78**
	mala	2	2,7		
	mala do srednja	20	27,0		
	srednja	33	44,6		
	srednja do velika	16	21,6		
	velika	3	4,1		

Tablica 5b. Raspodjela i udio genotipova prema morfološkim svojstvima, Shannonov indeks raznolikosti ( $H'$ ) i hi-kvadrat test ( $\chi^2$ ).

UPOV br.	Svojstvo	Broj genotipova	Udio genotipova(%)	$H'$	$\chi^2$
10.	<b>List: intenzitet zelene boje (L-izb)</b>			0,84	36,68**
	slabi intenzitet	3	4,1		
	slabi do srednji intenzitet	18	24,3		
	srednji intenzitet	32	43,2		
	srednji do jaki intenzitet	16	21,6		
	jaki intenzitet	5	6,8		
11.	<b>Cvijet: boja (C-b)</b>			0,73	26,16**
	bijela	15	20,3		
	ljubičasta	59	79,7		
12.	<b>Mahuna: intenzitet smeđe boje (M-isb)</b>			0,89	25,73**
	slabi intenzitet	11	14,9		
	slabi do srednji intenzitet	19	25,7		
	srednji intenzitet	29	39,2		
	srednji do jaki intenzitet	12	16,2		
	jaki intenzitet	3	4,1		
13.	<b>Sjeme: veličina zrna (S-vz)</b>			0,85	31,27**
	mala	10	13,5		
	mala do srednja	27	36,5		
	srednja	25	33,8		
	srednja do velika	10	13,5		
	velika	2	2,7		
14.	<b>Sjeme: oblik zrna (S-oz)</b>			0,79	34,22**
	okruglast	13	17,6		
	okruglasto spljošten	34	45,9		
	izdužen	26	35,1		
	izduženo spljošten	1	1,4		
15.	<b>Sjeme: boja ljuske bez hiluma (S-blj)</b>			0	0
	žuta	74	74		
16.	<b>Sjeme: obojenje ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti (S-opr)</b>			0,92	7,78**
	odsutno	25	33,8		
	prisutno	49	66,2		

Tablica 5c. Raspodjela i udio genotipova prema morfološkim svojstvima, Shannonov indeks raznolikosti ( $H'$ ) i hi-kvadrat test ( $\chi^2$ ).

UPOV br.	Svojstvo	Broj genotipova	Udio genotipova(%)	$H'$	$\chi^2$
17.	<b>Sjeme: boja hiluma (S-bh)</b>			0,81	44,87**
	siva	10	13,5		
	žuta	29	39,2		
	svjetlo smeđa	18	24,3		
	tamno smeđa	14	18,9		
	nepotpuna crna	1	1,4		
	crna	2	2,7		
18.	<b>Sjeme: boja funikule hiluma (S-bf)</b>			0,36	55,35**
	jednaka kao sjemenska ljuska	69	93,2		
	različita od boje sjemenske ljuske	5	6,8		
19.	<b>Biljka: početak cvatnje (B-pcv)</b>			0,90	18,34**
	vrlo rano	16	21,6		
	vrlo rano do rano	16	21,6		
	rano	25	33,8		
	rano do srednje	15	20,3		
	srednje	2	2,7		
20.	<b>Biljka: vrijeme dozrijevanja (B-vdz)</b>			0,98	5,05ns
	vrlo rano	9	12,2		
	vrlo rano do rano	18	24,3		
	rano	20	27,0		
	rano do srednje	13	17,6		
	srednje	14	18,9		

Obojenje hipokotila antocijaninom je bilo prisutno u 59 od 74 genotipa odnosno u 79,7 %. Shannonov indeks raznolikosti za ovo svojstvo iznosio je 0,73. Tip rasta biljaka soje ispitivane populacije je u 86,5 % genotipova bio indeterminirani (nedovršeni). Habitus biljaka soje ocijenjen je prema položaju bočnih grana na glavnoj stabljici i kutom koje imaju u odnosu na istu. U ispitivanoj populaciji najveći broj genotipova (ukupno 43) je imao polu-uspravan habitus tj. 58.1 %. Boja dlačica stabljike je svojstvo koje prema UPOV-om vodiču kategorizira genotipove u dvije grupe, na one sa sivim dlačicama te žuto-smeđim. U ispitivanoj populaciji zastupljenost genotipova sa sivim dlačicama je bila 52,7 %. Visina stabljike ispitivane populacije se u 2015. godini kretala od 24 cm do 110 cm, prosječna visina je iznosila 69 cm, a raspon razreda je bio 17,2 cm. Tijekom 2016. godine minimalna visina je iznosila 26 cm, a maksimalna 142 cm, prosječna visina je iznosila 90,3 cm, a raspon razreda je bio 23,2 cm. U 2016. godini prosječna je visina biljaka bila veća za 21,3 cm, a maksimalna za 32 cm u odnosu na 2015. godinu na što su pretežito utjecale vremenske

prilike odnosno veće količine oborina. U ispitivanoj populaciji najveći broj genotipova (39) je bio srednje visine što je činilo ukupno 52,7 % populacije. Naboranost lista je kvalitativno svojstvo koje je prema UPOV-om vodiču podijeljeno u pet razreda pri čemu je srednju naboranost imao najveći broj ispitivanih genotipova – 35 %. Prema obliku lateralne liske soju možemo grupirati u četiri kategorije. Najzastupljeniji oblik u ispitivanoj populaciji je ovalan oblik s izraženim vrhom koji je utvrđen u ukupno 82,4 % genotipova. Prema veličini lateralne liske soju se svrstava u pet kategorija. Najviše ispitivanih genotipova imalo je srednju veličinu (44,6 %).

Prema intenzitetu zelene boje lista ispitivanu smo populaciju soje grupirali u pet kategorija. Srednji intenzitet boje imala su 32 genotipa (43,2 %). Boja cvijeta soje je prema UPOV-om vodiču podijeljena na dvije osnovne kategorije, a to su genotipovi bijelog i ljubičastog cvijeta. U provedenom istraživanju prevladavala je ljubičasta boja cvijeta (79,7 %). Intenzitet smeđe boje mahuna podijeljen je u pet kategorija. Najveći broj genotipova je imao srednji intenzitet (39,2 %), dok je jaki intenzitet obojenosti utvrđen kod samo 3 genotipa (4,1 %). Veličina zrna soje vizualno je ocijenjena, a genotipovi su grupirani u pet kategorija. Za ovo je svojstvo utvrđen visok indeks raznolikosti od 0,85. Oblik zrna soje je prema UPOV-om vodiču kategoriziran u četiri grupe. Ispitivana populacija soje je vizualno ocijenjena, a najveći broj genotipova imao je okruglasto-spljošteno zrno (45,9 %).

Boja sjemenske ljuske soje ispitivane populacije bila je žute boje i jednaka za sve genotipove te je kao takva isključena iz daljnje obrade s obzirom na to da nema utjecaja na utvrđivanje raznolikosti. Svojstvo obojenja sjemenske ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti dijeli genotipove u dvije grupe, na one kod kojih dolazi do obojenja i one kod kojih obojenja nema. Shannonov indeks raznolikost je za ovo svojstvo prema utvrđenom omjeru bio visok i iznosio je 0,92. Prema boji hiluma ispitivana populacija soje svrstana je u šest kategorija. Najveći broj genotipova je imao žuti hilum (39,2 %) dok je nepotpuno crni imao najmanji broj (1,4 %). Boja funikule hiluma je dvoznačno svojstvo koje prema UPOV-om vodiču razvrstava genotipove soje na one koje imaju boju funikule jednaku boji sjemenske ljuske odnosno one kod kojih je boja različita. U istraživanoj populaciji za najveći broj genotipova je utvrđena boja funikule jednaka sjemenskoj ljuski (93,2 %). Početak cvatnje soje je svojstvo koje je zabilježeno u trenutku kada se na 50 % biljka otvorio barem jedan cvijet. Shannonov indeks raznolikosti za ovo je svojstvo bio visok i iznosio je 0,90.

Vrijeme dozrijevanja prema UPOV-om vodiču je podijeljeno u devet kategorija od vrlo ranih do vrlo kasnih. Uz genotipove primjere vrijeme dozrijevanja je transformirano u

kategorije prema DUS vodiču, a konačne ocjene su određene na temelju prosjeka razreda u 2015. i 2016. godini. U ispitivanoj populaciji vrlo rano dozrijevanje je utvrđeno kod 9 genotipova (12,2 %), vrlo rano do rano kod 18 (24,3 %), rano dozrijevanje kod 20 (27 %), rano do srednje kod 13 (17,6 %), a srednje dozrijevanje je utvrđeno kod 14 genotipova (18,9 %). Shannonov indeks raznolikosti je bio visok i iznosio je 0,98.

### 3.1.2. Razlikovna vrijednost morfoloških svojstava

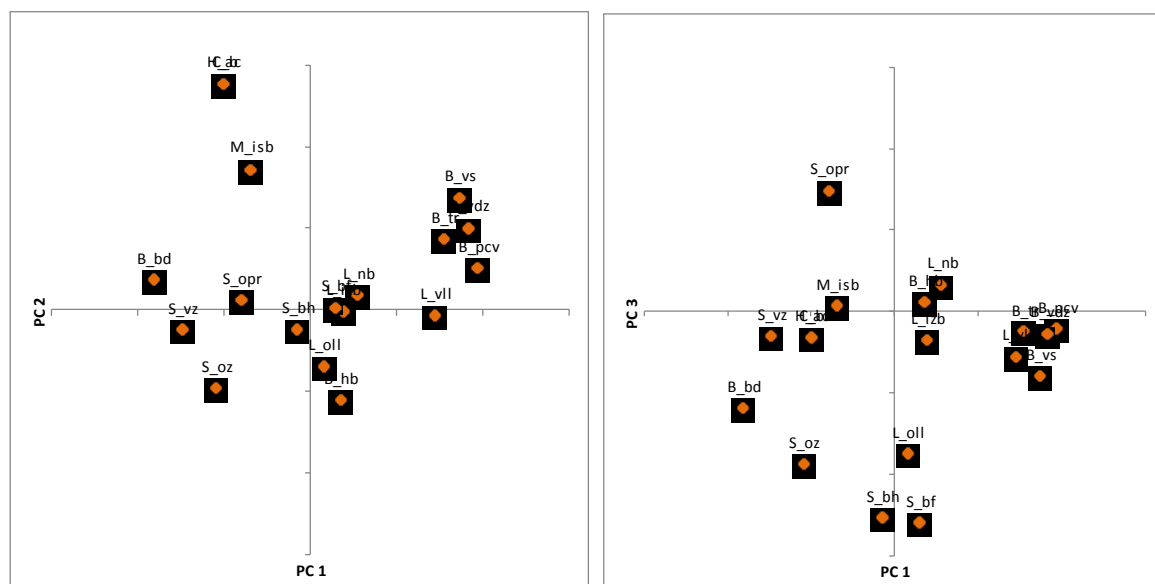
Za procjenu razlikovne vrijednosti morfoloških svojstava izvorne su ocjene podvrgnute analizi glavnih sastavnica (PCA) kako bi se temeljitije procijenili međuodnosi. Dobivene svojstvene vrijednosti pokazuju postotni udio ukupne varijabilnosti sadržane u izvornoj matrici, a iste se objašnjavaju pojedinim PC osima. Od glavnih osi sastavnica prve tri (PC 1, PC 2 i PC 3) objašnjavaju ukupno 47,24 % varijabilnosti između 74 genotipa (tablica 6). Svojstvene su vrijednosti ovih sastavnica bile veće od 1. Prvom osi (PC 1) objašnjeno je 25,24 % ukupne varijabilnosti, a najviše je vezana za svojstva početka cvatnje biljaka (B-pcv), vremena dozrijevanja (B-vdz), boju dlačica stabljike (B-bd) i visinu biljaka (B-vs) (tablica 6). Druga os (PC 2) obuhvatila je 12,66 % ukupne varijabilnosti i najviše je vezana za svojstva boje cvijeta (C-b) i obojenost hipokotila antocijanom (H-ac) čije su vrijednosti identične obzirom je kod svih genotipova s ljubičastom bojom cvijeta zabilježena pojava obojanosti hipokotila antocijanom. Treća os (PC 3) obuhvaća 9,34 % ukupne varijabilnosti i najviše je vezana za svojstva na zrnu, boju funikule hiluma (S-bf) i boju hiluma (S-bh). Na temelju analize glavnih sastavnica možemo zaključiti da svojstva naboranost lista (L-nb), intenzitet zelene boje lista (L-izb) i habitus biljke (B-hb), koja su smještena u blizini koordinatnog ishodišta odnosno imaju kratke vektore, pokazuju slabu razlikovnu vrijednost (graf 1). Najveće su dužine vektora (PC1 i PC 2) imala svojstva početka cvatnje (B-pcv), vremena dozrijevanja (B-vdz), boja dlačica stabljike (B-bd), boja cvijeta (C-b), obojenost hipokotila antocijanom (H-ac) i visina biljke (B-vs) (graf 1). Prema dobivenim vektorima prve i treće osi (PC 1 i PC 3) najveća vrijednost utvrđena je za svojstva ocijenjena na zrnu, boja funikule hiluma (S-bf) i boja hiluma (S-bh), a najmanja za sljedeća svojstva: intenzitet zelene boje lista (L-izb), habitus biljke (B-hb) i naboranost lista (L-nb) (graf 1).

Prema položaju vektora za svojstva u biplotu koja ukazuju na međusobne odnose i korelacije možemo zaključiti da je najveća pozitivna povezanost utvrđena za svojstva početka cvatnje (B-pcv), vremena dozrijevanja (B-vdz), visinu biljke (B-vs) i tip rasta biljke

(B-tr). U odnosu na četiri navedena svojstva u dijagonalnom se kvadrantu nalazi svojstvo veličine zrna temeljem čega možemo utvrditi negativno koreliranu varijabilnost.

Tablica 6. Glavne sastavnice 18 morfoloških svojstava za 74 genotipa soje (2015. i 2016.).

		PC 1	PC 2	PC 3
Svojstvena vrijednost		4,543	2,280	1,681
Postotni udio		25,24	12,66	9,34
Ukupni postotni udio		25,24	37,9	47,24
Svojstva	Oznaka	Svojstveni vektori		
Cvijet: boja	C-b	-0,19968	0,55196	-0,06469
Hipokotil: obojenje antocijanom	H-ac	-0,19968	0,55196	-0,06469
List: naboranost	L-nb	0,11146	0,03550	0,06465
List: intenzitet zelene boje	L-izb	0,07639	-0,00522	-0,07016
List: oblik lateralne liske	L-oll	0,03170	-0,13882	-0,35050
List: veličina lateralne liske	L-vll	0,29040	-0,01509	-0,11096
Biljka: boja dlačica stabljike	B-bd	-0,36101	0,07212	-0,23846
Biljka: habitus	B-hb	0,07054	-0,22279	0,02209
Biljka: tip rasta	B-tr	0,30911	0,17246	-0,05091
Biljka: visina	B-vs	0,34638	0,27433	-0,15883
Biljka: početak cvatnje	B-pcv	0,38704	0,09986	-0,04347
Biljka: vrijeme dozrijevanja	B-vdz	0,36595	0,19956	-0,05411
Mahuna: intenzitet smeđe boje	M-isb	-0,13729	0,34357	0,01282
Sjeme: boja funikule hiluma	S-bf	0,05896	0,00475	-0,51951
Sjeme: boja hiluma	S-bh	-0,02935	-0,04827	-0,50669
Sjeme: obojenje ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti	S-opr	-0,15736	0,02314	0,29498
Sjeme: oblik zrna	S-oz	-0,21742	-0,19184	-0,37396
Sjeme: veličina zrna	S-vz	-0,29477	-0,05019	-0,06113



Graf 1. BiPlot PCA konstruiran na temelju rezultata analize glavnih sastavnica za 18 morfoloških svojstava 74 genotipa soje (2015. – 2016.) a) PC 1 i PC2 b) PC1 i PC3.

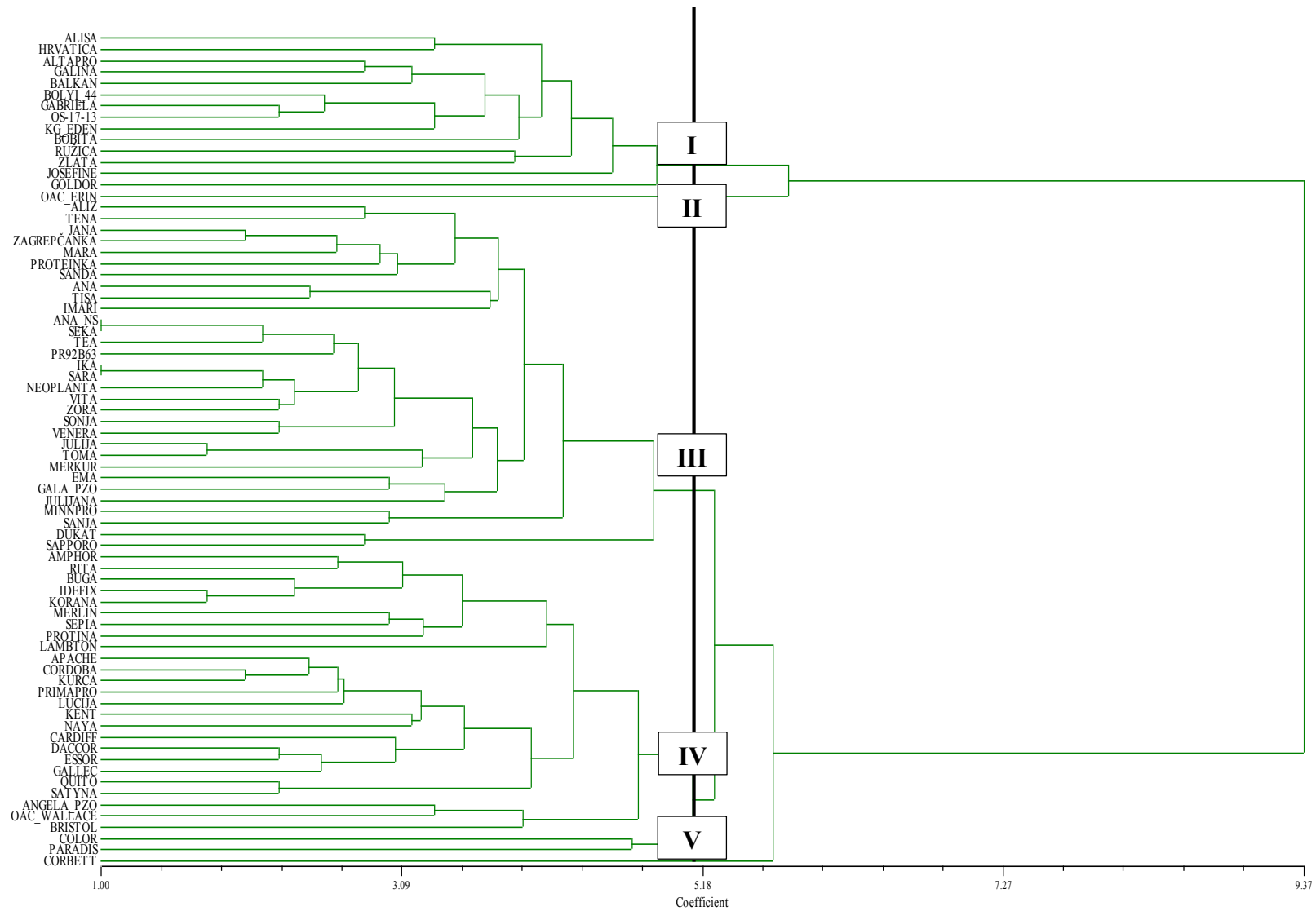
### 3.1.3. Grupiranje genotipova soje na temelju morfoloških svojstava

Grupiranje genotipova soje je provedeno pomoću klaster analize na temelju euklidske matrice udaljenosti, a genotipovi su grupirani prema UPGMA (engl. *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) metodi. Za utvrđivanje genetske udaljenosti 74 genotipa soje na temelju 18 morfoloških svojstava za parove genotipova izračunate su modificirane Euklidske distance (Prilog 3). Najmanja vrijednost genetske udaljenosti (1,00) utvrđena je za parove Seka i Ana NS te Ika i Sara. Niske vrijednosti udaljenosti zabilježene su i za genotipove Idefix i Korana (1,73) te Toma i Julija (1,73). Najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Paradis i Ružica (11,40), Hrvatice i Paradis (11,36), Corbett i OAC Erin (11,31), OAC Erin i Sapporo (11,18), Quito i Zlata (11,05) te Bristol i Zlata (11,05). Prosječna genetska udaljenost svih parova iznosila je 6,196. Najmanju prosječnu udaljenost u odnosu na druge je imo genotip Vita (4,84), a najveću genotip Goldor (8,67).

Na temelju matrica udaljenosti, a prema UPGMA metodi kreiran je dendrogram prikazan na grafu 2. Na UPGMA dendogramu klaster analize na temelju 18 morfoloških svojstava pri koeficijentu udaljenosti 5,18 izdvojilo se 5 klastera. Klaster I uključio je 14 genotipova za koje je bio karakterističan bijeli cvijet. U klaster II izdvojio se samo jedan genotip i to OAC Erin, karakterističan po bijeloj boji cvijeta te poludeterminiranog do indeterminiranog tipa rasta. U klaster III grupirao se 31 genotip ljubičastog cvijeta i pretežito sive boje dlačica stabljike. Klaster IV čini 27 genotipova također ljubičastog cvijeta, ali



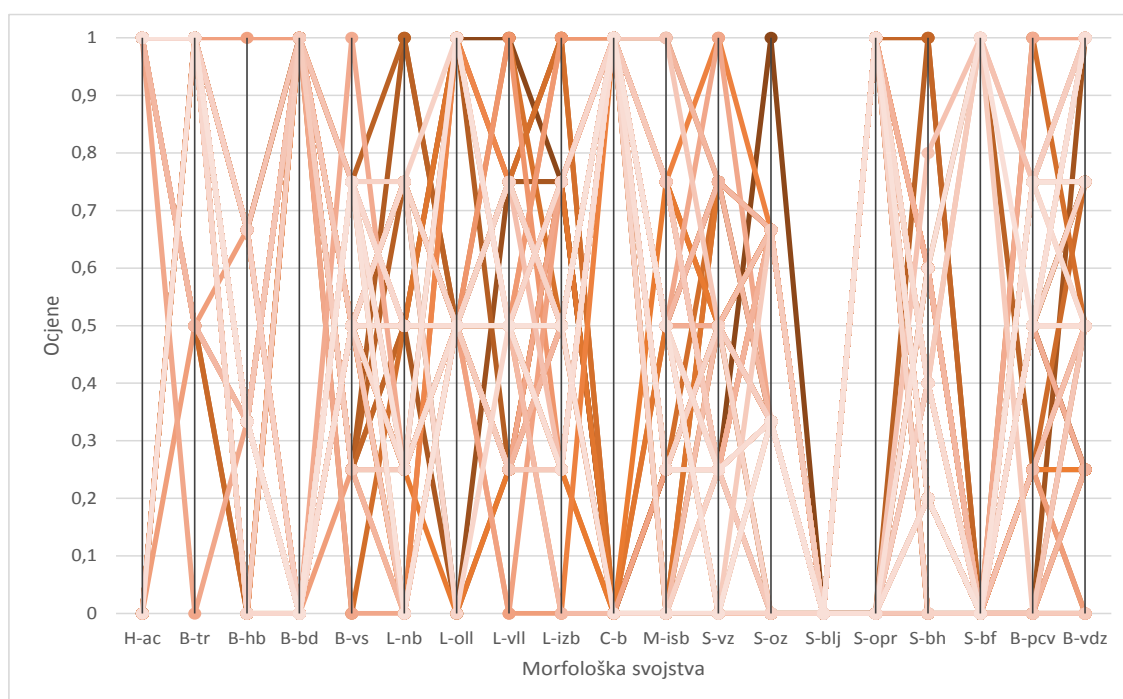
pretežito smeđe boje dlačica stabljike. Klaster V karakterističan je po samo jednom genotipu Corbett, ljubičastog cvijeta, smeđih dlačica, srednje do visoke stabljike.



Graf 2. UPGMA dendrogram za 74 genotipa soje na osnovu Euklidske matrice udaljenosti 18 morfoloških svojstava.

## 3.1.4. Dijagram paralelnih koordinata za morfološka svojstva

Dijagramom paralelnih koordinata su prikazana opažanja kao linije koje prolaze kroz paralelne osi, a svaka os predstavlja jednu varijablu. Prema Edeđ i sur. (2010.) prednost paralelnih koordinata, u odnosu na druge vizualizacijske metode, je u tome što se u takvome prikazu mogu lako uočiti odstupanja i grupiranja pojedinih opažanja te korelaciju među varijablama. Svaka neprekinuta linija predstavlja jedan genotip, a paralelne osi morfološka svojstva. Na grafu 3 se može uočiti struktura variranja pojedinih svojstava, tako za svojstva kod kojih je dobiven visok Shannonov indeks raznolikosti ( $> 80$ ) možemo primijetiti raspršenu strukturu paralelnih koordinata (B-bd, L-nb, L-izb, M-isb, S-vz, S-opr, S-bh, B-pcv i B-vdz).



Graf 3. Prikaz paralelnih koordinata za genotipove soje prema ocjenama morfoloških svojstava. (H-ac) - obojenje hipokotila antocijanom, (B-tr) - tip rasta biljke, (B-hb) - habitus, (B-bd) - boja dlačica, (B-vs, cm) - visina, (L-nb) - naboranost lista, (L-oll) - oblik lateralne liske, (L-vll) - veličina lateralne liske, (L-izb) - intenzitet zelene boje lista, (C-b) - boja cvijeta, (M-isb) - intenzitet smeđe boje mahune, (S-vz) - veličina zrna, (S-oz) - oblik zrna, (S-blj) - boja teste, (S-opr) - bojenje sjemenske ovojnice s obzirom na peroksidaznu aktivnost, (S-bh) - boja hiluma, (S-bf) - boja funikule hiluma, (B-pcv) - vrijeme početka cvjetanja, (B-vdz) - vrijeme dozrijevanja.

## 3.2. Rezultati analize agronomskih svojstava

### 3.2.1. Varijabilnost agronomskih svojstava

Urod i kakvoća zrna soje su kvantitativna svojstva koja se nasljeđuju poligeno. Varijabilnost ovih svojstava je uvjetovana genetskim razlikama među genotipovima, utjecajem okoliša te međudjelovanjem genotipa i vanjskih čimbenika. Mjere opisne statistike za agronomska svojstva ispitivane populacije od 74 genotipa su prikazane po godinama ispitivanja 2015. i 2016. (tablica 7).

Prosječna visina biljke (VB) ispitivanih genotipova soje u 2015. godini iznosila je 69 cm dok je u 2016. vrijednost bila za 21,3 cm veća (90,3 cm). Standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) u 2015. je bila 1 cm, a u 2016., godini 1,5 cm dok je koeficijent varijacije (CV) u 2015. godini bio za 2% manji (18,2 %) nego u 2016. (20,2 %). Raspon visina u 2015. se kretao od 30,3 do 101,4 cm, dok je u 2016. bio veći i kretao se od 32,1 do čak 128,1 cm. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) u 2015. je bila 12,5 cm, a u 2016. 18,3 cm.

Prosječan broj mahuna po biljci (BMB) je bio podjednak u obje ispitivane godine, u 2015. je iznosio 62,1, a u 2016. godini 66,2 mahune. Koeficijent varijacije je u sušnoj 2015. iznosio 21,2 %, odnosno bio je veći u odnosu na vlažniju godinu 2016. kada je iznosio 15,6 %. Minimalna vrijednost BMB u 2015. je iznosila 36,2, a u 2016. 41,4, dok je maksimalan broj mahuna po biljci je u 2015. bio 96,1, a u 2016. 101,8. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) za svojstvo BMB u 2015. je bila 13,2, dok je u 2016. iznosila 10,3, dok su vrijednosti standardne pogreške aritmetičke sredine (SEM) bile 1,1 (2015.) odnosno 0,8 (2016.).

Broj zrna po biljci (BZB) je u 2015. godini imao prosječnu vrijednost od 152,9, uz koeficijent varijacije od 24,1 %. Obje navedene vrijednosti su bile veće u odnosu na klimatski umjereniju 2016. godinu kada je BZB iznosio 148, a CV 17,6 %. Raspon BZB u 2015. godini je bio veći (od 75,3 do 250,6) u odnosu na 2016. godinu kada je iznosio 150,2 zrna (od 88,2 do 238,4). Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) za svojstvo BZB u 2015. je bila 36,8, a tijekom 2016. 26,1, dok je standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) u 2015. bila 3, a u 2016, godini 2,1.

Broj zrna po mahuni (BZPM) je u 2015. imao prosječnu vrijednost od 2,46 i CV od 9,66%, obje su vrijednosti bile veće u odnosu na 2016. kada je prosječna vrijednost BZPM bila 2,24 mahune, a CV od 9,39 %. Minimalna vrijednost BZPM u 2015. je iznosila 1,96, a u 2016. 1,57, dok je maksimalan broj zrna po mahuni je u 2015. bio 3, a u 2016. 2,88 zrna.

Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) za svojstvo BZPM u 2015. je bila 0,24, a tijekom 2016. 0,21. Standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) je u obje godine ispitivanja bila 0,02.

Masa tisuću zrna (MTZ) je u klimatski nepovoljnijoj godini imala manju prosječnu vrijednost (149,6 g) u odnosu na 2016. kada je iznosila 168,3 g. Koeficijent varijacije je u 2015. iznosio 13 %, a u 2016. je imao vrijednost 11,9 %. Raspon MTZ u 2015. godini je bio manji (84,9 g) nego u 2016. (95,9 g) u kojoj je maksimalno izmjerena MTZ iznosila 216,8 g. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) za svojstvo MTZ u 2015. je bila 19,5 g, a u 2016. 20,1 g, dok je standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) u 2015. bila 1,6 g, a u 2016. godini 1,7 g.

Broj dana do početka cvatnje (BDC) je u prosjeku u 2015. godini iznosio 36,5 dana dok je u 2016. bio 31,5 dana. Minimalan broj dana do cvatnje u 2015. je bio 32, a maksimalan 47 što je za četiri dana veći raspon nego u 2016. godini.

Broj dana do zriobe (BDZ) je bio gotovo podjednak u obje godine ispitivanja, tako je prosječan BDZ u 2015. bio 122,3, a u 2016. 123,7 dana. Maksimalan je broj dana do zriobe u obje godine bio jednak i iznosio je 147 dana.

Prosječan sadržaj bjelančevina u zrnu (SP) je u 2015. iznosio 40 %, a u 2016. 40,1 %. Koeficijenti varijacije su također bili podjednaki i iznosili su 5,6 % i 4,5 % prema godinama ispitivanja. Minimalna vrijednost SP u 2015. je iznosila 34,9 %, a u 2016. 36,7 %. Maksimalan SP je u 2015. bio 46 %, a u 2016. 46,4 %. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) podataka SP u 2015. je bila 2,2 %, a tijekom 2016. 1,8 %. Standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) je u 2015. bila 0,2 %, a u 2016. godini 0,1 %.

Prosječan sadržaj ulja u zrnu (SU) je u sušnijoj 2015. godini je iznosio 22,1 % i bio je nešto veće vrijednosti u odnosu na 2016. godinu kada je bio 21,6 %. Koeficijenti varijacije su bili podjednaki u godinama istraživanja i iznosili su 4,1 % (2015.) odnosno 4,5 % (2016.). Minimalna vrijednost SU u 2015. je iznosila 18 %, a u 2016. 17,8 %, dok su maksimalne vrijednosti SU je u 2015. bile 24,5 %, odnosno u 2016. 23,4 %. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) za svojstvo SU u 2015. je bila 0,9 %, a tijekom 2016. 1 %, a vrijednosti standardne pogreške aritmetičke sredine (SEM) su bile 0,2 % u 2015. i 0,1% u 2016.

Masa zrna po biljci (MZB) i pripadajući sklop biljaka u konačnici daju urod po jedinici površine. Prosječna masa zrna po biljci (tablica 7) je u 2015. iznosila 23 g dok je u 2016. bila nešto veća i iznosila je 24,7 g. Tijekom 2015. godine zabilježena je razlika između minimalne i maksimalne vrijednosti od 32,5 g, a u 2016. godini razlika je bila znatno manja i iznosila je 16,1 g. Koeficijent varijacije je u 2015. godini imao visoku vrijednosti od 28,6 %, a u 2016. vrijednost je bila 16,7 %. Razliku od 11,9 % u CV između godina ispitivanja

se mogu pripisati svojstvu samoga genotipa, odnosno njegovoj sposobnosti da se prilagodi nepovoljnijim vremenskim uvjetima koji su prevladavali u 2015. godini. Standardna devijacija ( $\sigma^2$ ) mase zrna po biljci (MZB) u 2015. je bila 6,6 g, a tijekom 2016. 4,1 g. Standardna pogreška aritmetičke sredine (SEM) je u 2015. bila 0,5 g, a u 2016. godini 0,3 g.

Jednofaktorijalnom analizom varijance za 2015. godinu i 2016. godinu te kombiniranom analizom varijance za 2015. i 2016. godinu utvrđen je značajan ( $p < 0,01$ ) utjecaj genotipa i interakcije genotipa i godine na sva ispitivana svojstva (tablica 8). Razlike između genotipova za sva ispitivana svojstva ispitane su LSD testom. Pregled analiziranih svojstava ispitivanog uzorka po genotipovima, godinama i prosječnim vrijednostima za obje ispitivane godine prikazan je u tablicama 9 - 18.

Tablica 7. Mjere opisne statistike za ispitivana agronomska svojstva (n = 148).

	VB (cm)	BMB	BZB	BZPM	MTZ (g)	BDCV	BDZR	SP (%)	SU (%)	MZB (g)
2015.										
Prosjek ( $\bar{x}$ ),	69,0	62,1	152,9	2,46	149,6	36,5	122,3	40,0	22,1	23,0
Minimum	30,3	36,2	75,3	1,96	104,2	32,0	101,0	34,9	18,0	8,9
Maksimum	101,4	96,1	250,6	3,00	189,1	47,0	147,0	46,0	24,5	41,5
Std Dev ( $\sigma^2$ )	12,5	13,2	36,8	0,24	19,5	3,0	11,5	2,2	0,9	6,6
SEM ( $s_{\bar{x}}$ )	1,0	1,1	3,0	0,02	1,6	0,2	0,9	0,2	0,1	0,5
CV (%)	18,2	21,2	24,1	9,66	13,0	8,1	9,4	5,6	4,1	28,6
2016.										
Prosjek ( $\bar{x}$ ),	90,3	66,2	148,0	2,24	168,3	31,5	123,7	40,1	21,6	24,7
Minimum	32,1	41,4	88,2	1,57	120,9	28,0	104,0	36,7	17,8	15,1
Maksimum	128,1	101,8	238,4	2,88	216,8	39,0	147,0	46,4	23,4	34,2
Std Dev ( $\sigma^2$ )	18,3	10,3	26,1	0,21	20,1	1,9	11,8	1,8	1,0	4,1
SEM ( $s_{\bar{x}}$ )	1,5	0,8	2,1	0,02	1,7	0,2	1,0	0,1	0,1	0,3
CV (%)	20,2	15,6	17,6	9,39	11,9	5,9	9,5	4,5	4,5	16,7

VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa tisuću zrna (g), BDC - broj dana do početka cvatnje, BDZ - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina u zrnu (%), SU - sadržaj ulja u zrnu (%), MZB - masa zrna po biljci (g)

Tablica 8. Utjecaj genotipa na ispitivana svojstva u 2015. i 2016. godini te utjecaj godine, genotipa i interakcije genotip x godina na ispitivana svojstva (u tablici su prikazane vrijednosti sredine kvadrata).

Izvor varijabilnosti	DF	VB	BMB	Svojstva					
				BZB	BZPM	MTZ	SP	SU	MZB
2015.									
Ponavljanje	1	8,854	126,559	330,305	0,011	0,351	0,235	0,004	8,490
Genotip	73	297,026**	312,867**	2553,602**	0,086**	684,665**	9,852**	1,662**	81,595**
Pogreška	73	18,749	33,459	173,599	0,028	78,516	0,105	0,017	5,101
2016.									
Ponavljanje	1	61,237	9,860	0,788	0,017	9,142	0,053	0,036	0,402
Genotip	73	652,552**	186,696**	1187,590**	0,071**	738,969**	6,222**	1,858**	27,832**
Pogreška	73	18,449	26,747	184,439	0,018	73,617	0,209	0,026	6,335
2015/2016.									
Godina	1	33568,8	1254,3	1783,1	3,5	25932,1	1,71	22,0	209,4
Ponavljanje	2	35,0	68,2	165,5	0,01	4,7	0,1	0,02	4,4
Genotip	73	776,4**	347,9**	2459,3**	0,1*	1183,1**	14,2**	3,0**	76,2**
Genotip x Godina	73	173,2**	151,6**	1281,9**	0,1**	240,5**	1,8**	0,5**	33,2**
Pogreška	146	18,599	30,103	179,019	0,023	76,067	0,157	0,021	5,718

\*\* - razlika statistički značajna na razini značajnosti od 99 %, \* - razlika statistički značajna na razini značajnosti od 95 %, DF – stupnjevi slobode, VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%), MZB - masa zrna po biljci (g).



---

### 3.2.1.1. Visina biljke

Analizom varijance za svojstvo visine biljke utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) na ispitivano svojstvo (tablica 8). Najveći udio u varijaciji svojstva pripada učinku godine potom učinku genotipa, a najmanji interakciji.

Prosječne vrijednosti po godinama ispitivanja i prosjeka obje godine ispitivanja za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 9. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 69 cm, a u 2016. bila je za 21,3 cm viša tj. iznosila je u prosjeku 90,3 cm. Najnižu visinu biljke u obje godine ispitivanja je imao genotip Paradis, tijekom 2015. zabilježena je visina od 31,2 cm, a tijekom 2016. visina od 32,5 cm. Među najnižima u 2015. su bili Gallec, Daccor, Quito i Altapro, a tijekom 2016. Gallec, Merlin, Color te Daccor. Genotip s najvišom stabljikom u 2015. godini je bio PR92B63 (99,5 cm), a u 2016. Venera (124,8 cm). Tijekom dvogodišnjeg ispitivanja prosječno je najviši bio PR92B63 sa 106,2 cm.

Tablica 9. Prosječne vrijednosti visine biljke u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	68,6	95,6	82,1	38.	KURCA	53,0	67,4	60,2
2.	ALIZ	62,9	92,7	77,8	39.	LAMBTON	60,0	80,8	70,4
3.	ALTAPRO	50,3	110,0	80,1	40.	LUCIJA	76,0	96,9	86,4
4.	AMPHOR	59,2	60,9	60,1	41.	MARA	57,7	89,2	73,5
5.	ANA	71,9	104,4	88,1	42.	MERKUR	88,6	92,2	90,4
6.	ANA NS	85,9	108,5	97,2	43.	MERLIN	53,1	57,9	55,5
7.	ANGELA PZO	70,5	78,2	74,3	44.	MINNPRO	77,3	85,9	81,6
8.	APACHE	64,0	77,2	70,6	45.	NAYA	62,8	61,0	61,9
9.	BALKAN	62,2	98,5	80,3	46.	NEOPLANTA	71,6	94,1	82,8
10.	BOBITA	69,8	93,9	81,8	47.	OAC ERIN	55,7	66,9	61,3
11.	BOLYI 44	64,1	103,9	84,0	48.	OAC WALLACE	78,6	84,8	81,7
12.	BRISTOL	59,5	73,4	66,4	49.	OS-17-13	72,5	97,6	85,1
13.	BUGA	58,0	100,1	79,0	50.	PARADIS	31,2	32,5	31,8
14.	CARDIFF	63,4	68,8	66,1	51.	PR92B63	99,5	112,9	106,2
15.	COLOR	54,6	58,2	56,4	52.	PRIMAPRO	68,1	72,9	70,5
16.	CORBETT	82,3	97,6	89,9	53.	PROTEINKA	81,1	91,8	86,4
17.	CORDOBA	60,0	75,7	67,8	54.	PROTINA	63,3	86,7	75,0
18.	DACCOR	47,7	58,3	53,0	55.	QUITO	49,6	77,5	63,5
19.	DUKAT	79,9	104,3	92,1	56.	RITA	56,2	73,8	65,0
20.	EMA	71,3	101,2	86,2	57.	RUŽICA	60,7	97,3	79,0
21.	ESSOR	61,8	73,8	67,8	58.	SANDA	78,0	100,0	89,0
22.	GABRIELA	69,3	106,3	87,8	59.	SANJA	80,0	111,2	95,6
23.	GALA PZO	80,4	78,9	79,6	60.	SAPORO	79,9	99,7	89,8
24.	GALINA	74,4	96,4	85,4	61.	SARA	79,6	120,1	99,8
25.	GALLEC	47,3	46,0	46,6	62.	SATYNA	61,9	80,7	71,3
26.	GOLDOR	76,7	91,0	83,8	63.	SEKA	69,9	113,9	91,9
27.	HRVATICA	69,7	105,9	87,8	64.	SEPIA	62,1	74,2	68,1
28.	IDEFIX	68,5	100,9	84,7	65.	SONJA	89,3	110,6	100,0
29.	IKA	87,2	113,2	100,2	66.	TEA	79,8	101,0	90,4
30.	IMARI	72,1	83,4	77,7	67.	TENA	71,4	100,6	86,0
31.	JANA	73,1	98,0	85,5	68.	TISA	84,4	108,7	96,6
32.	JOSEFINE	62,0	80,5	71,2	69.	TOMA	67,1	98,1	82,6
33.	JULIJA	77,2	102,1	89,7	70.	VENERA	71,1	124,8	98,0
34.	JULIJANA	90,6	99,8	95,2	71.	VITA	64,6	98,9	81,7
35.	KENT	68,4	77,9	73,1	72.	ZAGREPČANKA	53,2	92,6	72,9
36.	KG EDEN	65,4	100,9	83,1	73.	ZLATA	92,5	110,9	101,7
37.	KORANA	73,3	84,0	78,6	74.	ZORA	80,9	115,3	98,1
						Prosjek	69,0	90,3	79,6
						LSD 0,05	8,6	8,6	8,5
						LSD 0,01	11,5	11,4	11,3

### 3.2.1.2. Broj mahuna po biljci

Analizom varijance utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8) na broj mahuna po biljci. Najveći udio u varijaciji svojstva broja mahuna po biljci kao i kod svojstva visine pripada učinku godine potom učinku genotipa, a najmanji njihovoj interakciji. Učinak genotipa je u vremenski nepovoljnijoj 2015. godini veći u odnosu na umjerenu 2016. godinu.

Prosječne vrijednosti broja mahuna po godinama ispitivanja i prosjeka obje godine ispitivanja za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 10. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 62,1, a u 2016. iznosila je 66,2 mahune. Najmanji broj mahuna u 2015. godini ispitivanja je imao genotip Jana (40,6), a u 2016. genotip Lambton (42,9), gledajući dvogodišnji prosjek najmanji je broj mahuna imao genotip Eссор (45,8). Genotip s najvećim brojem mahuna tijekom obje godine istraživanja je bio Dukat, u 2015. godini je imao 93,7 mahuna, a u 2016. godini 96,6.

Tablica 10. Prosječne vrijednosti broja mahuna po biljci u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.
1.	ALISA	46,9	62,1	54,5	38.	KURCA	59,8	57,8	58,8
2.	ALIZ	56,8	79,0	67,9	39.	LAMBTON	56,7	42,9	49,8
3.	ALTAPRO	44,0	61,5	52,7	40.	LUCIJA	67,6	70,0	68,8
4.	AMPHOR	63,3	58,2	60,7	41.	MARA	55,0	52,4	53,7
5.	ANA	66,3	84,7	75,5	42.	MERKUR	59,5	53,5	56,5
6.	ANA NS	59,0	65,7	62,4	43.	MERLIN	72,2	67,1	69,7
7.	ANGELA PZO	64,9	55,7	60,3	44.	MINNPRO	64,2	63,0	63,6
8.	APACHE	65,3	69,9	67,6	45.	NAYA	49,6	67,3	58,4
9.	BALKAN	68,8	73,5	71,1	46.	NEOPLANTA	89,9	87,8	88,8
10.	BOBITA	62,1	57,7	59,9	47.	OAC ERIN	67,1	66,8	66,9
11.	BOLYI 44	45,7	65,1	55,4	48.	OAC WALLACE	61,9	62,9	62,4
12.	BRISTOL	66,9	71,9	69,4	49.	OS-17-13	60,4	64,1	62,2
13.	BUGA	42,3	72,5	57,4	50.	PARADIS	50,5	53,7	52,1
14.	CARDIFF	81,8	68,3	75,0	51.	PR92B63	92,4	78,4	85,4
15.	COLOR	65,0	62,7	63,8	52.	PRIMAPRO	71,4	76,5	73,9
16.	CORBETT	70,8	65,3	68,0	53.	PROTEINKA	60,1	68,0	64,1
17.	CORDOBA	68,4	63,7	66,0	54.	PROTINA	57,8	58,1	57,9
18.	DACCOR	47,3	59,8	53,6	55.	QUITO	62,8	56,4	59,6
19.	DUKAT	93,7	96,6	95,1	56.	RITA	57,9	57,2	57,6
20.	EMA	65,4	75,0	70,2	57.	RUŽICA	46,1	61,0	53,5
21.	ESSOR	47,4	44,2	45,8	58.	SANDA	59,2	71,0	65,1
22.	GABRIELA	49,2	49,8	49,5	59.	SANJA	75,8	76,1	75,9
23.	GALA PZO	66,3	64,3	65,3	60.	SAPORO	91,4	71,2	81,3
24.	GALINA	56,5	62,3	59,4	61.	SARA	49,0	68,4	58,7
25.	GALLEC	50,3	53,1	51,7	62.	SATYNA	70,6	71,8	71,2
26.	GOLDOR	81,2	62,3	71,8	63.	SEKA	67,0	78,5	72,7
27.	HRVATICA	52,2	55,6	53,9	64.	SEPIA	54,0	68,1	61,0
28.	IDEFIX	83,3	59,0	71,1	65.	SONJA	90,7	69,4	80,0
29.	IKA	60,9	73,6	67,3	66.	TEA	51,0	66,5	58,7
30.	IMARI	74,2	68,9	71,5	67.	TENA	51,5	66,9	59,2
31.	JANA	40,6	73,1	56,8	68.	TISA	69,6	74,1	71,8
32.	JOSEFINE	69,1	62,9	66,0	69.	TOMA	49,5	56,4	53,0
33.	JULIJA	49,1	77,1	63,1	70.	VENERA	63,5	77,9	70,7
34.	JULIJANA	49,7	66,7	58,2	71.	VITA	59,6	75,9	67,7
35.	KENT	67,7	49,0	58,4	72.	ZAGREPČANKA	76,9	73,1	75,0
36.	KG EDEN	57,8	77,7	67,7	73.	ZLATA	52,3	70,4	61,3
37.	KORANA	54,0	61,7	57,8	74.	ZORA	50,2	72,9	61,5
Prosjek							62,1	66,2	64,2
LSD 0.05							11,5	10,3	10,8
LSD 0.01							15,3	13,7	14,3

### 3.2.1.3. Broj zrna po biljci

Analizom varijance za svojstvo broja zrna po biljci utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji svojstva broja zrna po biljci pripada učinku genotipa potom učinku godine i interakcije. Učinak genotipa je u vremenski nepovoljnijoj 2015. godini veći u odnosu na umjerenu 2016. godinu.

Prosječne vrijednosti broja zrna po biljci prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivanu populaciju prikazane su u tablici 11. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 152,9, a u 2016. iznosila je 148 zrna po biljci. Najmanji broj zrna u 2015. godini ispitivanja je imao genotip Altapro (89,3), a u 2016. genotip Lambton (95,4). Genotip s najvećim brojem zrna u 2015. je bio Neoplanta (247,4), a u 2016. Dukat (230,5). Tijekom dvogodišnjeg ispitivanja najmanji broj zrna po biljci je imao genotip Essor (100,9), dok je najveći broj zrna ostvario genotip Neoplanta (226,1).

Tablica 11. Prosječne vrijednosti svojstva broja zrna po biljci u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.
1.	ALISA	102,6	136,4	119,5	38.	KURCA	153,8	117,7	135,8
2.	ALIZ	125,6	171,5	148,5	39.	LAMBTON	154,6	95,4	125,0
3.	ALTAPRO	89,3	141,9	115,6	40.	LUCIJA	184,4	165,6	175,0
4.	AMPHOR	152,8	132,8	142,8	41.	MARA	155,1	122,7	138,9
5.	ANA	159,9	149,2	154,6	42.	MERKUR	154,4	129,1	141,8
6.	ANA NS	153,3	151,0	152,1	43.	MERLIN	160,0	168,7	164,3
7.	ANGELA PZO	170,0	135,6	152,8	44.	MINNPRO	157,7	137,1	147,4
8.	APACHE	162,3	143,5	152,9	45.	NAYA	128,6	160,2	144,4
9.	BALKAN	167,2	149,2	158,2	46.	NEOPLANTA	247,4	204,9	226,1
10.	BOBITA	156,8	157,0	156,9	47.	OAC ERIN	168,6	147,6	158,1
11.	BOLYI 44	99,9	146,5	123,2	48.	OAC WALLACE	147,3	151,6	149,5
12.	BRISTOL	179,3	183,4	181,3	49.	OS-17-13	131,4	138,6	135,0
13.	BUGA	107,9	161,4	134,7	50.	PARADIS	120,4	98,9	109,6
14.	CARDIFF	214,1	148,1	181,1	51.	PR92B63	197,6	160,0	178,8
15.	COLOR	164,9	154,0	159,4	52.	PRIMAPRO	178,2	195,7	187,0
16.	CORBETT	177,0	159,8	168,4	53.	PROTEINKA	145,6	154,7	150,1
17.	CORDOBA	194,8	137,4	166,1	54.	PROTINA	151,0	134,4	142,7
18.	DACCOR	117,4	117,3	117,3	55.	QUITO	168,9	116,1	142,5
19.	DUKAT	204,7	230,5	217,6	56.	RITA	120,1	121,9	121,0
20.	EMA	166,2	167,8	167,0	57.	RUŽICA	99,8	127,2	113,5
21.	ESSOR	106,2	95,6	100,9	58.	SANDA	133,0	161,2	147,1
22.	GABRIELA	106,4	111,7	109,0	59.	SANJA	165,4	149,7	157,5
23.	GALA PZO	154,1	152,6	153,4	60.	SAPORO	239,7	167,6	203,6
24.	GALINA	147,2	150,3	148,7	61.	SARA	121,3	158,7	140,0
25.	GALLEC	133,0	108,9	120,9	62.	SATYNA	183,2	157,5	170,3
26.	GOLDOR	219,6	145,8	182,7	63.	SEKA	173,6	183,8	178,7
27.	HRVATICA	109,4	112,3	110,9	64.	SEPIA	124,1	136,1	130,1
28.	IDEFIX	225,0	140,2	182,6	65.	SONJA	228,9	130,8	179,8
29.	IKA	155,3	181,4	168,3	66.	TEA	113,1	131,8	122,4
30.	IMARI	170,7	135,7	153,2	67.	TENA	128,9	147,0	137,9
31.	JANA	89,6	158,2	123,9	68.	TISA	178,1	139,0	158,5
32.	JOSEFINE	146,4	154,9	150,6	69.	TOMA	133,2	132,9	133,0
33.	JULIJA	128,8	178,7	153,8	70.	VENERA	160,2	171,4	165,8
34.	JULIJANA	112,7	139,3	126,0	71.	VITA	137,2	164,1	150,7
35.	KENT	175,1	126,1	150,6	72.	ZAGREPČANKA	213,1	156,2	184,7
36.	KG EDEN	125,4	170,4	147,9	73.	ZLATA	122,4	165,2	143,8
37.	KORANA	130,4	131,3	130,9	74.	ZORA	132,6	182,3	157,4
Prosjek							152,9	148,0	150,4
LSD 0.05							26,3	27,1	26,4
LSD 0.01							34,9	35,9	34,9

#### 3.2.1.4. Broj zrna po mahuni

Analizom varijance za svojstvo broja zrna po mahuni utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa ( $p < 0,05$ ) te statistički značajan utjecaj godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji svojstva broja zrna po mahuni pripada učinku godine potom učinku genotipa, a najmanji interakciji.

Prosječne vrijednosti broja zrna po mahuni prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 12. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 2,46, a u 2016. iznosila je 2,24 zrna po mahuni. Najmanji broj zrna u 2015. godini ispitivanja je imao genotip Altapro (2,03), a u 2016. genotip Ana (1,74). Genotip s najvećim brojem zrna po mahuni u 2015. je bio Cordoba (2,86), a u 2016. Bobita (2,74). Tijekom dvogodišnjeg ispitivanja genotip s najmanjim brojem zrna po mahuni je bio Hrvatica (2,06), dok su najveći broj zrna imali Bobita (2,63) i Bristol (2,63).

Tablica 12. Prosječne vrijednosti svojstva broja zrna po mahuni u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.
1.	ALISA	2,19	2,21	2,20	38.	KURCA	2,59	2,04	2,32
2.	ALIZ	2,23	2,17	2,20	39.	LAMBTON	2,73	2,22	2,48
3.	ALTAPRO	2,03	2,32	2,18	40.	LUCIJA	2,73	2,37	2,55
4.	AMPHOR	2,43	2,30	2,36	41.	MARA	2,83	2,35	2,59
5.	ANA	2,40	1,74	2,07	42.	MERKUR	2,60	2,42	2,51
6.	ANA NS	2,64	2,29	2,46	43.	MERLIN	2,22	2,52	2,37
7.	ANGELA PZO	2,62	2,44	2,53	44.	MINNPRO	2,46	2,19	2,33
8.	APACHE	2,49	2,07	2,28	45.	NAYA	2,62	2,39	2,50
9.	BALKAN	2,44	2,05	2,24	46.	NEOPLANTA	2,77	2,34	2,56
10.	BOBITA	2,52	2,74	2,63	47.	OAC ERIN	2,53	2,21	2,37
11.	BOLYI 44	2,18	2,25	2,22	48.	OAC WALLACE	2,38	2,40	2,39
12.	BRISTOL	2,70	2,56	2,63	49.	OS-17-13	2,18	2,18	2,18
13.	BUGA	2,56	2,25	2,40	50.	PARADIS	2,38	1,86	2,12
14.	CARDIFF	2,63	2,17	2,40	51.	PR92B63	2,14	2,07	2,10
15.	COLOR	2,54	2,46	2,50	52.	PRIMAPRO	2,50	2,58	2,54
16.	CORBETT	2,50	2,44	2,47	53.	PROTEINKA	2,42	2,28	2,35
17.	CORDOBA	2,86	2,16	2,51	54.	PROTINA	2,60	2,31	2,46
18.	DACCOR	2,48	1,96	2,22	55.	QUITO	2,71	2,06	2,38
19.	DUKAT	2,19	2,39	2,29	56.	RITA	2,07	2,13	2,10
20.	EMA	2,53	2,24	2,38	57.	RUŽICA	2,17	2,09	2,13
21.	ESSOR	2,27	2,20	2,24	58.	SANDA	2,25	2,27	2,26
22.	GABRIELA	2,18	2,24	2,21	59.	SANJA	2,19	1,98	2,09
23.	GALA PZO	2,36	2,38	2,37	60.	SAPPORO	2,62	2,37	2,49
24.	GALINA	2,63	2,42	2,52	61.	SARA	2,47	2,30	2,39
25.	GALLEC	2,63	2,06	2,35	62.	SATYNA	2,60	2,20	2,40
26.	GOLDOR	2,69	2,33	2,51	63.	SEKA	2,60	2,32	2,46
27.	HRVATICA	2,07	2,05	2,06	64.	SEPIA	2,32	2,00	2,16
28.	IDEFIX	2,73	2,36	2,54	65.	SONJA	2,53	1,88	2,21
29.	IKA	2,55	2,48	2,52	66.	TEA	2,22	2,00	2,11
30.	IMARI	2,32	1,98	2,15	67.	TENA	2,51	2,19	2,35
31.	JANA	2,22	2,14	2,18	68.	TISA	2,58	1,88	2,23
32.	JOSEFINE	2,12	2,47	2,30	69.	TOMA	2,70	2,33	2,51
33.	JULIJA	2,62	2,33	2,47	70.	VENERA	2,51	2,21	2,36
34.	JULIJANA	2,29	2,08	2,19	71.	VITA	2,33	2,16	2,24
35.	KENT	2,60	2,57	2,58	72.	ZAGREPČANKA	2,77	2,13	2,45
36.	KG EDEN	2,19	2,21	2,20	73.	ZLATA	2,35	2,35	2,35
37.	KORANA	2,44	2,14	2,29	74.	ZORA	2,65	2,50	2,57
Prosjeck							2,46	2,24	2,35
LSD 0,05							0,33	0,26	0,30
LSD 0,01							0,44	0,35	0,39



### 3.2.1.5. Masa 1000 zrna

Analizom varijance za svojstvo mase 1000 zrna utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji svojstva mase 1000 zrna pripada učinku godine zatim učinku genotipa, a najmanji interakciji.

Prosječne vrijednosti mase 1000 zrna prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivanu populaciju prikazane su u tablici 13. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 149,6 g, a u 2016. iznosila je 168,3 grama. Najmanju masu 1000 zrna tijekom obje godine ispitivanja je imao genotip Altapro, u 2015. godini 110,9 g, a u 2016. 127,2 g. Genotip s najvećom masom 1000 zrna tijekom dvogodišnjeg ispitivanja je bio Imari, u 2015. godini je imao 182,8 g, a u 2016. godini 207,7 g.

Tablica 13. Prosječne vrijednosti svojstva mase 1000 zrna u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/16.
1.	ALISA	163,0	199,8	181,4	38.	KURCA	161,3	186,6	174,0
2.	ALIZ	143,2	165,7	154,4	39.	LAMBTON	175,3	194,4	184,8
3.	ALTAPRO	110,9	127,2	119,1	40.	LUCIJA	155,5	177,0	166,3
4.	AMPHOR	163,7	187,4	175,6	41.	MARA	144,3	175,9	160,1
5.	ANA	153,4	148,4	150,9	42.	MERKUR	177,1	148,1	162,6
6.	ANA NS	142,3	152,7	147,5	43.	MERLIN	169,6	151,7	160,6
7.	ANGELA PZO	166,8	186,7	176,8	44.	MINNPRO	150,3	176,3	163,3
8.	APACHE	165,5	194,9	180,2	45.	NAYA	174,0	173,1	173,6
9.	BALKAN	163,0	192,4	177,7	46.	NEOPLANTA	125,7	134,4	130,1
10.	BOBITA	115,7	142,0	128,8	47.	OAC ERIN	142,0	132,5	137,3
11.	BOLYI 44	131,4	160,2	145,8	48.	OAC WALLACE	168,1	171,1	169,6
12.	BRISTOL	177,3	176,8	177,0	49.	OS-17-13	178,0	194,6	186,3
13.	BUGA	148,4	168,5	158,5	50.	PARADIS	152,4	175,4	163,9
14.	CARDIFF	174,9	205,0	189,9	51.	PR92B63	144,6	154,1	149,3
15.	COLOR	177,4	201,9	189,7	52.	PRIMAPRO	146,8	142,6	144,7
16.	CORBETT	167,9	198,3	183,1	53.	PROTEINKA	144,1	155,0	149,6
17.	CORDOBA	155,0	169,7	162,4	54.	PROTINA	130,1	141,9	136,0
18.	DACCOR	142,7	183,5	163,1	55.	QUITO	164,7	183,0	173,9
19.	DUKAT	138,6	148,4	143,5	56.	RITA	169,2	198,0	183,6
20.	EMA	160,6	167,6	164,1	57.	RUŽICA	126,0	180,8	153,4
21.	ESSOR	177,3	194,6	185,9	58.	SANDA	175,7	158,4	167,0
22.	GABRIELA	128,5	160,4	144,5	59.	SANJA	143,3	148,9	146,1
23.	GALA PZO	158,4	175,3	166,9	60.	SAPORO	157,3	178,1	167,7
24.	GALINA	131,1	154,4	142,8	61.	SARA	127,0	161,3	144,1
25.	GALLEC	122,4	178,9	150,6	62.	SATYNA	168,4	183,2	175,8
26.	GOLDOR	168,6	179,9	174,2	63.	SEKA	133,8	154,1	144,0
27.	HRVATICA	144,7	164,2	154,5	64.	SEPIA	138,2	167,6	152,9
28.	IDEFIX	134,3	165,5	149,9	65.	SONJA	162,1	169,8	166,0
29.	IKA	132,2	151,7	142,0	66.	TEA	128,9	156,8	142,9
30.	IMARI	182,8	207,7	195,2	67.	TENA	142,0	173,6	157,8
31.	JANA	137,9	159,3	148,6	68.	TISA	161,8	182,6	172,2
32.	JOSEFINE	137,9	162,8	150,3	69.	TOMA	134,1	161,3	147,7
33.	JULIJA	116,9	131,0	123,9	70.	VENERA	159,1	155,8	157,4
34.	JULIJANA	163,2	185,0	174,1	71.	VITA	144,1	157,3	150,7
35.	KENT	147,8	173,3	160,5	72.	ZAGREPČANKA	115,2	165,0	140,1
36.	KG EDEN	120,9	159,3	140,1	73.	ZLATA	138,9	127,5	133,2
37.	KORANA	151,6	175,4	163,5	74.	ZORA	122,7	151,5	137,1
Prosjeck							149,6	168,3	159,0
LSD 0.05							17,7	17,1	17,2
LSD 0.01							23,4	22,7	22,8

### 3.2.1.6. Masa zrna po biljci

Analizom varijance za svojstvo mase zrna po biljci utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji svojstva mase zrna po biljci pripada učinku godine zatim učinku genotipa, a najmanji interakciji.

Prosječne vrijednosti mase zrna po biljci prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitvanu populaciju prikazane su u tablici 14. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 23 g, a u 2016. iznosila je 24,7 grama. Najmanju masu zrna u 2015. godini ispitivanja je imao genotip Altapro (9,87 g), a u 2016. genotip Paradis (17,37). Najveću masu zrna po biljci u 2015. godini je imao genotip Sapporo (37,82 g), a u 2016. godini genotip Dukat (34,19 g). Promatrajući dvogodišnji prosjek, genotip s najmanjom masom zrna po biljci je bio Altapro (13,90 g), dok je najveću masu postigao genotip Cardiff (33,91 g).

Tablica 14. Prosječne vrijednosti svojstva mase zrna po biljci u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	16,69	27,15	21,92	38.	KURCA	24,74	22,03	23,39
2.	ALIZ	18,04	28,45	23,25	39.	LAMBTON	27,26	18,51	22,88
3.	ALTAPRO	9,87	17,93	13,90	40.	LUCIJA	28,66	29,20	28,93
4.	AMPHOR	24,93	25,01	24,97	41.	MARA	22,28	21,56	21,92
5.	ANA	24,57	22,12	23,34	42.	MERKUR	27,16	19,16	23,16
6.	ANA NS	21,87	22,86	22,36	43.	MERLIN	27,15	25,57	26,36
7.	ANGELA PZO	28,38	25,35	26,87	44.	MINNPRO	23,64	23,91	23,77
8.	APACHE	26,59	28,06	27,32	45.	NAYA	22,16	27,74	24,95
9.	BALKAN	27,28	28,74	28,01	46.	NEOPLANTA	31,06	27,51	29,29
10.	BOBITA	18,35	22,22	20,28	47.	OAC ERIN	24,00	19,43	21,71
11.	BOLYI 44	13,17	23,56	18,36	48.	OAC WALLACE	24,62	25,97	25,29
12.	BRISTOL	31,65	32,37	32,01	49.	OS-17-13	23,46	26,96	25,21
13.	BUGA	16,08	27,23	21,65	50.	PARADIS	18,31	17,37	17,84
14.	CARDIFF	37,38	30,43	33,91	51.	PR92B63	28,49	24,64	26,56
15.	COLOR	29,01	31,13	30,07	52.	PRIMAPRO	25,95	27,81	26,88
16.	CORBETT	29,45	31,63	30,54	53.	PROTEINKA	20,94	24,06	22,50
17.	CORDOBA	30,04	23,21	26,62	54.	PROTINA	19,58	18,92	19,25
18.	DACCOR	16,74	21,49	19,11	55.	QUITO	28,08	21,24	24,66
19.	DUKAT	28,20	34,19	31,19	56.	RITA	20,33	24,14	22,23
20.	EMA	26,68	28,16	27,42	57.	RUŽICA	12,60	22,98	17,79
21.	ESSOR	18,85	18,52	18,68	58.	SANDA	23,36	25,51	24,44
22.	GABRIELA	13,60	17,99	15,79	59.	SANJA	23,61	22,33	22,97
23.	GALA PZO	24,47	26,77	25,62	60.	SAPPORO	37,82	29,73	33,77
24.	GALINA	19,21	23,18	21,19	61.	SARA	15,47	25,52	20,49
25.	GALLEC	16,49	19,33	17,91	62.	SATYNA	30,96	28,85	29,90
26.	GOLDOR	37,08	26,28	31,68	63.	SEKA	23,28	28,11	25,69
27.	HRVATICA	16,00	18,43	17,21	64.	SEPIA	17,19	22,78	19,98
28.	IDEFIX	30,17	23,05	26,61	65.	SONJA	36,88	22,25	29,56
29.	IKA	20,52	27,44	23,98	66.	TEA	14,45	20,66	17,55
30.	IMARI	31,18	28,27	29,72	67.	TENA	18,28	25,35	21,81
31.	JANA	12,30	25,10	18,70	68.	TISA	28,63	25,47	27,05
32.	JOSEFINE	20,20	25,12	22,66	69.	TOMA	17,79	21,13	19,46
33.	JULIJA	14,98	23,43	19,21	70.	VENERA	25,28	26,73	26,01
34.	JULIJANA	18,41	25,59	22,00	71.	VITA	19,73	25,68	22,70
35.	KENT	25,78	21,73	23,75	72.	ZAGREPČANKA	24,59	25,95	25,27
36.	KG EDEN	15,16	26,77	20,96	73.	ZLATA	17,05	21,09	19,07
37.	KORANA	19,76	23,08	21,42	74.	ZORA	16,30	27,53	21,91
						Prosjek	22,97	24,66	23,82
						LSD 0.05	4,5	5,02	4,73
						LSD 0.01	5,97	6,66	6,24

### 3.2.1.7. Broj dana do početka cvatnje

Rezultati dobiveni primjenom neparametrijskog Kruskal-Wallis testa su pokazali kako postoji statistički značajna razlika među promatranim genotipovima u broju dana do početka cvatnje ( $p < 0,01$ ) (tablica 15).

Prosječne vrijednosti broja dana do cvatnje prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 15. Prosječan broj dana u 2015. godini je iznosio 36 dana, a tijekom 2016. godine 31 dan. Dvogodišnji je prosjek broja dana do početka cvatnje ispitivane populacije bio 34 dana. Najmanji broj dana u 2015. godini ispitivanja (32) su imali genotipovi Angela PZO, Bristol, Daccor, Gallec i Quito. U 2016. godini genotipovi s najmanjim brojem dana (28) do početka cvatnje su bili Lambton, Paradis, Cardiff i Amphor. Najveći broj dana do početka cvatnje u 2015. godini je imao genotip PR92B63 (47), a u 2016. genotip Goldor (39). Promatrajući dvogodišnji prosjek najmanji broj dana do početka cvatnje (31) su imali Lambton, Paradis, Bristol, Daccor, Gallec, Cardiff, OAC Wallace, Satyna i Quito dok su najveći broj dana imali genotipovi PR92B63 (41) i Goldor (42).

Tablica 15. Prosječne vrijednosti broja dana do početka cvatnje u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	37	31	34	38.	KURCA	36	30	33
2.	ALIZ	37	32	35	39.	LAMBTON	33	28	31
3.	ALTAPRO	38	32	35	40.	LUCIJA	33	31	32
4.	AMPHOR	37	28	33	41.	MARA	37	31	34
5.	ANA	36	34	35	42.	MERKUR	36	32	34
6.	ANA NS	41	34	37	43.	MERLIN	34	29	32
7.	ANGELA PZO	32	31	32	44.	MINNPRO	33	31	32
8.	APACHE	36	29	33	45.	NAYA	33	30	32
9.	BALKAN	39	33	36	46.	NEOPLANTA	38	34	36
10.	BOBITA	36	32	34	47.	OAC ERIN	37	31	34
11.	BOLYI 44	37	31	34	48.	OAC WALLACE	33	29	31
12.	BRISTOL	32	29	31	49.	OS-17-13	37	31	34
13.	BUGA	37	33	35	50.	PARADIS	33	28	31
14.	CARDIFF	34	28	31	51.	PR92B63	47	34	41
15.	COLOR	33	30	32	52.	PRIMAPRO	36	32	34
16.	CORBETT	33	32	32	53.	PROTEINKA	39	33	36
17.	CORDOBA	37	31	34	54.	PROTINA	33	30	32
18.	DACCOR	32	29	31	55.	QUITO	32	30	31
19.	DUKAT	37	34	36	56.	RITA	33	30	32
20.	EMA	40	33	37	57.	RUŽICA	41	33	37
21.	ESSOR	35	30	33	58.	SANDA	37	33	35
22.	GABRIELA	36	31	34	59.	SANJA	36	31	33
23.	GALA PZO	33	31	32	60.	SAPPORO	39	33	36
24.	GALINA	38	32	35	61.	SARA	40	34	37
25.	GALLEC	32	29	31	62.	SATYNA	33	30	31
26.	GOLDOR	44	39	42	63.	SEKA	41	34	38
27.	HRVATICA	40	33	37	64.	SEPIA	33	30	32
28.	IDEFIX	36	31	34	65.	SONJA	41	33	37
29.	IKA	39	33	36	66.	TEA	38	33	36
30.	IMARI	38	32	35	67.	TENA	37	32	35
31.	JANA	37	32	35	68.	TISA	38	33	36
32.	JOSEFINE	34	31	32	69.	TOMA	37	32	35
33.	JULIJA	37	32	35	70.	VENERA	37	32	35
34.	JULIJANA	37	32	35	71.	VITA	39	33	36
35.	KENT	37	29	33	72.	ZAGREPČANKA	38	32	35
36.	KG EDEN	37	32	34	73.	ZLATA	37	33	35
37.	KORANA	37	31	34	74.	ZORA	40	33	37
Prosjek							36	31	34
Kruskal-Wallis: Pr > Chi-Square							0.000**		

Napomena: \*p&lt;0,05, \*\*p&lt;0,01

### 3.2.1.8. Broj dana do zriobe

Rezultati dobiveni primjenom neparametrijskog Kruskal-Wallis testa su pokazali kako postoji statistički značajna razlika među promatranim genotipovima u broju dana do zriobe ( $p < 0,01$ ) (tablica 16).

Prosječne vrijednosti broja dana do zriobe prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 16. Prosječan broj dana u 2015. godini je iznosio 122 dana, a tijekom 2016. godine 124 dana. Raspon broja dana do zriobe u 2015. je bio 46 dana, a u 2016. 43 dana. Dvogodišnji je prosjek broja dana do zriobe ispitivane populacije bio 123 dana. Najmanji broj dana u obje godine ispitivanja su imali genotipovi OAC Erin (101 i 107) i Paradis (101 i 104). Genotip s najvećim brojem dana do zriobe u 2015. godini je bio PR92B63 (147), a u 2016. genotip Tea (147). Promatrajući dvogodišnji prosjek najmanji broj dana do zriobe je imao genotip Paradis (103) dok je najveći broj dana imao genotip PR92B63 (147).

Tablica 16. Prosječne vrijednosti broja dana do zriobe u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	129	127	128	38.	KURCA	107	113	110
2.	ALIZ	131	137	134	39.	LAMBTON	107	113	110
3.	ALTAPRO	115	117	116	40.	LUCIJA	124	118	121
4.	AMPHOR	112	113	113	41.	MARA	125	120	122
5.	ANA	142	145	144	42.	MERKUR	122	115	119
6.	ANA NS	132	145	139	43.	MERLIN	106	109	108
7.	ANGELA PZO	131	143	137	44.	MINNPRO	125	119	122
8.	APACHE	115	115	115	45.	NAYA	108	115	111
9.	BALKAN	129	128	128	46.	NEOPLANTA	129	127	128
10.	BOBITA	130	126	128	47.	OAC ERIN	101	107	104
11.	BOLYI 44	115	120	118	48.	OAC WALLACE	126	122	124
12.	BRISTOL	125	115	120	49.	OS-17-13	127	124	125
13.	BUGA	109	117	113	50.	PARADIS	101	104	103
14.	CARDIFF	117	115	116	51.	PR92B63	147	146	147
15.	COLOR	117	111	114	52.	PRIMAPRO	118	112	115
16.	CORBETT	130	123	127	53.	PROTEINKA	125	123	124
17.	CORDOBA	117	114	116	54.	PROTINA	104	113	108
18.	DACCOR	103	112	108	55.	QUITO	107	113	110
19.	DUKAT	131	137	134	56.	RITA	104	113	109
20.	EMA	128	130	129	57.	RUŽICA	133	139	136
21.	ESSOR	104	113	109	58.	SANDA	130	121	126
22.	GABRIELA	107	116	112	59.	SANJA	125	123	124
23.	GALA PZO	130	129	130	60.	SAPPORO	139	142	141
24.	GALINA	124	119	122	61.	SARA	130	130	130
25.	GALLEC	103	108	106	62.	SATYNA	126	122	124
26.	GOLDOR	124	128	126	63.	SEKA	133	144	139
27.	HRVATICA	133	144	139	64.	SEPIA	103	111	107
28.	IDEFIX	117	115	116	65.	SONJA	142	145	144
29.	IKA	129	128	129	66.	TEA	132	147	139
30.	IMARI	144	144	144	67.	TENA	129	128	129
31.	JANA	124	117	121	68.	TISA	140	144	142
32.	JOSEFINE	107	113	110	69.	TOMA	124	124	124
33.	JULIJA	125	119	122	70.	VENERA	133	144	139
34.	JULIJANA	130	127	129	71.	VITA	128	122	125
35.	KENT	115	115	115	72.	ZAGREPČANKA	123	122	122
36.	KG EDEN	124	118	121	73.	ZLATA	131	144	138
37.	KORANA	108	112	110	74.	ZORA	129	129	129
Prosjek							122	124	123
Kruskal-Wallis: Pr > Chi-Square							0.000**		

Napomena: \*p&lt;0,05, \*\*p&lt;0,01



### 3.2.1.9. Sadržaj bjelančevina

Analizom varijance za svojstvo sadržaja bjelančevina utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji ovog svojstva pripada učinku genotipa zatim učinku interakcije te godine.

Prosječne vrijednosti sadržaja bjelančevina prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivane genotipove prikazane su u tablici 17. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 40 %, a u 2016. iznosila je 40,1 %. Najmanji sadržaj bjelančevina u 2015. godini ispitivanja je imao genotip Zagrepčanka (35 %), a u 2016. godini OAC Wallace (36,9 %). Genotip s najvećim udjelom bjelančevina u znu u 2015. godini je bio Protina (45,8 %), a u 2016. godini Altapro (46,3 %). Promatrajući dvogodišnji prosjek, genotip s najmanjim sadržajem bjelančevina u znu je bio Zagrepčanka (36,6 %), dok je najveći sadržaj imao genotip Altapro (46 %).

Tablica 17. Prosječne vrijednosti sadržaja bjelančevina u zrnju (% na ST) u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	39,4	39,2	39,3	38.	KURCA	41,4	42,9	42,1
2.	ALIZ	39,6	37,3	38,4	39.	LAMBTON	41,3	39,9	40,6
3.	ALTAPRO	45,7	46,3	46,0	40.	LUCIJA	37,9	38,1	38,0
4.	AMPHOR	41,5	40,9	41,2	41.	MARA	35,9	39,3	37,6
5.	ANA	38,3	38,6	38,5	42.	MERKUR	41,7	41,4	41,6
6.	ANA NS	37,2	38,4	37,8	43.	MERLIN	41,8	40,9	41,4
7.	ANGELA PZO	40,1	39,3	39,7	44.	MINNPRO	45,2	45,3	45,2
8.	APACHE	40,0	39,1	39,5	45.	NAYA	41,7	41,2	41,5
9.	BALKAN	38,4	38,0	38,2	46.	NEOPLANTA	38,2	39,6	38,9
10.	BOBITA	37,1	37,9	37,5	47.	OAC ERIN	40,3	40,0	40,2
11.	BOLYI 44	39,2	39,5	39,3	48.	OAC WALLACE	39,9	36,9	38,4
12.	BRISTOL	41,3	40,1	40,7	49.	OS-17-13	40,3	40,3	40,3
13.	BUGA	39,5	38,7	39,1	50.	PARADIS	44,6	43,9	44,2
14.	CARDIFF	41,5	41,4	41,5	51.	PR92B63	39,0	42,9	40,9
15.	COLOR	40,0	39,6	39,8	52.	PRIMAPRO	43,7	42,2	42,9
16.	CORBETT	39,8	39,5	39,7	53.	PROTEINKA	39,8	41,8	40,8
17.	CORDOBA	38,9	39,1	39,0	54.	PROTINA	45,8	44,4	45,1
18.	DACCOR	40,3	42,5	41,4	55.	QUITO	43,5	42,0	42,7
19.	DUKAT	38,1	39,7	38,9	56.	RITA	41,9	40,2	41,1
20.	EMA	39,1	39,2	39,1	57.	RUŽICA	40,7	40,4	40,5
21.	ESSOR	43,0	41,1	42,0	58.	SANDA	39,8	40,1	39,9
22.	GABRIELA	40,6	40,0	40,3	59.	SANJA	39,1	38,8	39,0
23.	GALA PZO	40,0	40,4	40,2	60.	SAPPORO	37,3	38,0	37,6
24.	GALINA	37,4	38,5	37,9	61.	SARA	38,2	40,1	39,1
25.	GALLEC	41,9	40,3	41,1	62.	SATYNA	39,4	38,4	38,9
26.	GOLDOR	40,0	40,2	40,1	63.	SEKA	39,3	39,4	39,3
27.	HRVATICA	41,3	41,5	41,4	64.	SEPIA	41,8	40,5	41,1
28.	IDEFIX	41,1	40,6	40,8	65.	SONJA	38,1	39,1	38,6
29.	IKA	36,3	38,7	37,5	66.	TEA	39,0	40,4	39,7
30.	IMARI	41,9	40,8	41,3	67.	TENA	37,7	38,7	38,2
31.	JANA	38,7	40,2	39,4	68.	TISA	37,8	38,4	38,1
32.	JOSEFINE	42,2	40,5	41,3	69.	TOMA	42,1	41,6	41,8
33.	JULIJA	39,7	40,2	40,0	70.	VENERA	38,2	38,4	38,3
34.	JULIJANA	37,8	39,5	38,6	71.	VITA	36,7	38,8	37,8
35.	KENT	42,1	42,1	42,1	72.	ZAGREPČANKA	35,0	38,1	36,6
36.	KG EDEN	39,2	39,9	39,5	73.	ZLATA	41,2	42,5	41,9
37.	KORANA	39,9	39,0	39,4	74.	ZORA	37,0	39,3	38,1
						Prosjek	40,0	40,1	40,1
						LSD 0.05	0,7	0,9	0,8
						LSD 0.01	0,9	1,2	1,0

### 3.2.1.10. Sadržaj ulja

Analizom varijance za svojstvo sadržaja ulja u zrnu utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije genotipa i godine ( $p < 0,01$ ) (tablica 8). Najveći udio u varijaciji ovog svojstva pripada učinku godine, zatim učinku genotipa te njihovoj interakciji.

Prosječne vrijednosti sadržaja ulja u zrnu prema godinama ispitivanja i prosjeka obje godine za ispitivanu populaciju prikazane su u tablici 18. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 22,1 %, a u 2016. iznosila je 21,6 %. Dvogodišnji prosjek ispitivane populacije je iznosio 21,9 %. Najmanji sadržaj ulja u obje godine ispitivanja je imao genotip Altapro, u 2015. godini 18 %, a u 2016. godini 17,9 %. Genotip s najvećim udjelom ulja u zrnu u 2015. godini je bio Zagrepčanka (24,5 %), a u 2016. godini genotip Josefina (23,3 %). Promatrajući dvogodišnji prosjek najveći je sadržaj ostvario genotip Zagrepčanka (23,2 %).

Tablica 18. Prosječne vrijednosti sadržaja ulja u zrnu (% na ST) u 2015. i 2016. godini i dvogodišnji prosjek.

Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.	Rb.	Genotip	2015.	2016.	2015/ 16.
1.	ALISA	22,9	22,0	22,4	38.	KURCA	22,6	21,7	22,1
2.	ALIZ	22,7	22,6	22,7	39.	LAMBTON	22,6	22,6	22,6
3.	ALTAPRO	18,0	17,9	18,0	40.	LUCIJA	23,4	22,6	23,0
4.	AMPHOR	21,7	22,2	22,0	41.	MARA	23,2	21,6	22,4
5.	ANA	21,8	21,5	21,6	42.	MERKUR	22,0	21,2	21,6
6.	ANA NS	22,3	21,8	22,0	43.	MERLIN	22,3	22,6	22,4
7.	ANGELA PZO	22,9	22,2	22,5	44.	MINNPRO	20,6	18,8	19,7
8.	APACHE	22,5	22,9	22,7	45.	NAYA	21,9	21,9	21,9
9.	BALKAN	22,3	21,8	22,0	46.	NEOPLANTA	22,3	21,1	21,7
10.	BOBITA	22,8	21,8	22,3	47.	OAC ERIN	21,6	21,7	21,6
11.	BOLYI 44	22,6	22,2	22,4	48.	OAC WALLACE	22,6	23,1	22,9
12.	BRISTOL	21,6	22,3	21,9	49.	OS-17-13	22,4	21,5	21,9
13.	BUGA	22,9	21,8	22,3	50.	PARADIS	20,5	20,0	20,2
14.	CARDIFF	21,9	21,3	21,6	51.	PR92B63	21,2	19,8	20,5
15.	COLOR	22,9	23,1	23,0	52.	PRIMAPRO	21,3	21,5	21,4
16.	CORBETT	21,9	21,6	21,7	53.	PROTEINKA	22,5	21,4	21,9
17.	CORDOBA	22,9	21,9	22,4	54.	PROTINA	18,8	18,9	18,8
18.	DACCOR	22,7	21,9	22,3	55.	QUITO	22,1	22,2	22,1
19.	DUKAT	22,5	21,9	22,2	56.	RITA	21,9	22,5	22,2
20.	EMA	22,0	20,9	21,5	57.	RUŽICA	22,0	21,2	21,6
21.	ESSOR	21,6	22,2	21,9	58.	SANDA	21,7	20,5	21,1
22.	GABRIELA	22,6	22,3	22,5	59.	SANJA	22,9	22,0	22,4
23.	GALA PZO	22,3	21,3	21,8	60.	SAPPORO	23,1	22,6	22,9
24.	GALINA	22,5	21,0	21,7	61.	SARA	22,0	21,4	21,7
25.	GALLEC	20,5	21,4	20,9	62.	SATYNA	22,8	22,3	22,5
26.	GOLDOR	22,1	21,4	21,8	63.	SEKA	21,5	21,2	21,3
27.	HRVATICA	22,2	20,7	21,5	64.	SEPIA	22,0	23,1	22,6
28.	IDEFIX	22,2	21,6	21,9	65.	SONJA	22,1	20,8	21,5
29.	IKA	22,6	21,5	22,0	66.	TEA	22,4	22,3	22,3
30.	IMARI	21,9	21,2	21,5	67.	TENA	22,6	21,6	22,1
31.	JANA	21,9	20,7	21,3	68.	TISA	23,1	22,3	22,7
32.	JOSEFINE	22,5	23,3	22,9	69.	TOMA	21,1	20,2	20,6
33.	JULIJA	21,9	20,9	21,4	70.	VENERA	23,0	22,5	22,7
34.	JULIJANA	23,0	22,0	22,5	71.	VITA	22,9	22,0	22,4
35.	KENT	21,8	21,6	21,7	72.	ZAGREPČANKA	24,5	21,9	23,2
36.	KG EDEN	22,7	22,8	22,7	73.	ZLATA	22,7	20,8	21,8
37.	KORANA	22,0	21,8	21,9	74.	ZORA	22,4	21,5	21,9
						Prosjek	22,1	21,6	21,9
						LSD 0.05	0,26	0,32	0,29
						LSD 0.01	0,34	0,43	0,38

### 3.2.2. Grupiranje genotipova soje na temelju agronomskih svojstava

#### 3.2.2.1. Klaster analiza genotipova soje na temelju agronomskih svojstava u 2015. godini

Grupiranje genotipova soje na temelju agronomskih svojstava napravljeno je klaster analizom koristeći euklidsku matricu udaljenosti, a genotipovi su grupirani prema UPGMA metodi (graf 4) u četiri klastera. Za utvrđivanje genetske udaljenosti 74 genotipa soje na temelju 10 agronomskih svojstava u 2015. godini za parove sorti izračunate su Euklidske udaljenosti (Prilog 4). Najmanja vrijednost genetske udaljenosti utvrđena je za parove Gala PZO i OAC Wallace (0,87) te genotipova OS-17-13 i Sande (0,99). Najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Altapro i Sapporo (11,02), Altapro i Zagrepčanka (10,52) te Altapro i Sonja (10,46). Prosječna genetska udaljenost svih parova iznosila je 4,22. Najmanju prosječnu udaljenost u odnosu na druge genotipove su imali genotipovi Apache (3,26), Proteinka (3,31) te Venera (3,38), a najveće prosječne udaljenosti Altapro (7,55) i PR92B63 (6,65).

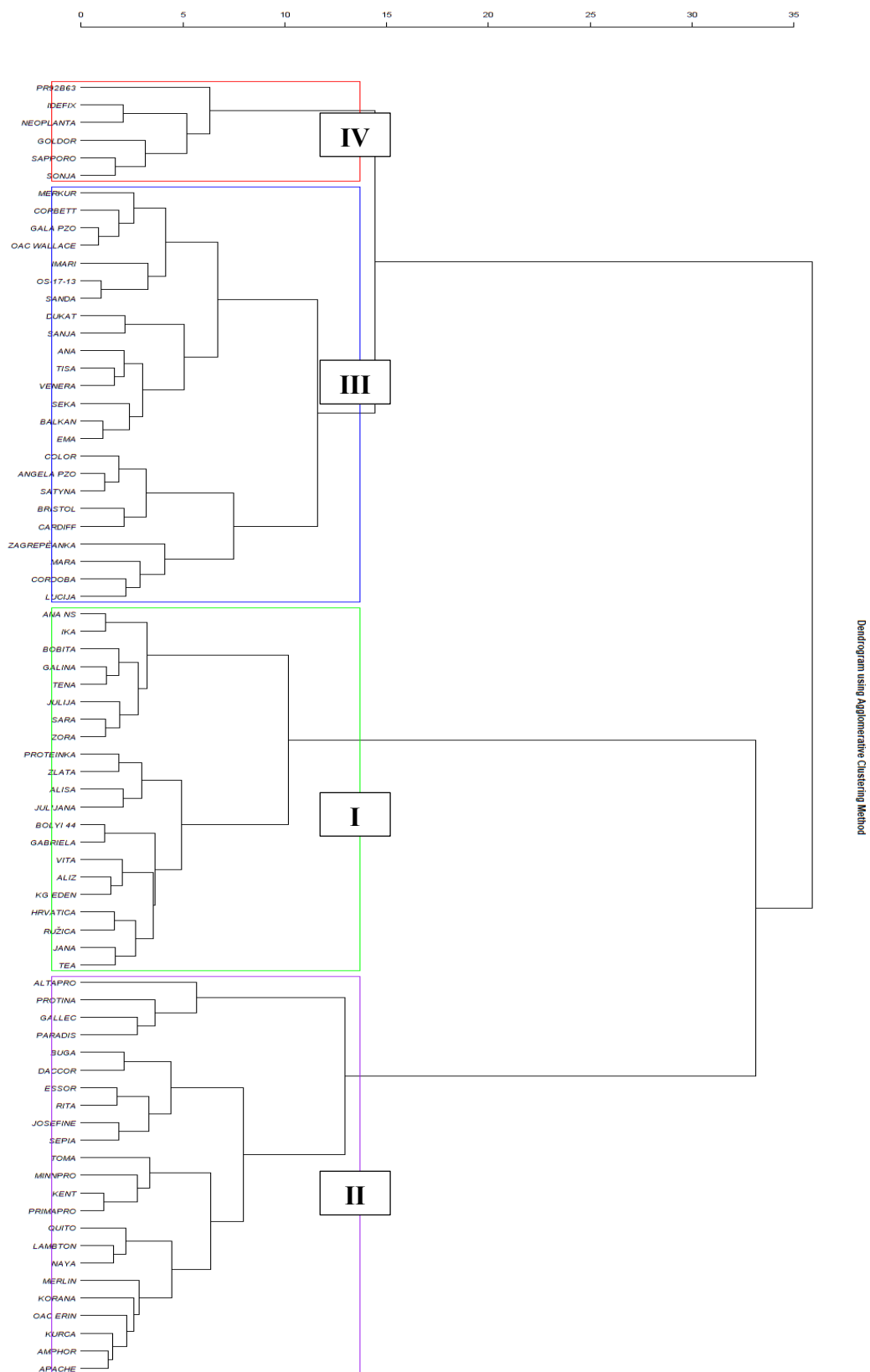
Klaster I je uključio 21 genotip koje karakterizira mali broj mahuna (52,68), broj zrna (124,47) i masa zrna (16,81 g) po biljci. Klaster I je imao najmanji prosječan broj zrna po mahuni (2,36) i masu tisuću zrna (135,43 g) u odnosu na ostale klastera no s visokim prosječnim sadržajem ulja od 22,45 %. U ovaj su se klaster grupirali genotipovi Alisa, Aliz, Ns Ana, Bobita, Bolyi 44, Gabriela, Galina, Hrvatica, Ika, Jana, Julija, Julijana, Kg Eden, Proteinka, Ružica, Sara, Tea, Tena, Vita, Zlata i Zora.

U klaster II izdvojila su se 23 genotipa karakteristična po niskim biljkama (58,76 cm), kratkog perioda od nicanja do početka cvatnje (34,63), najkraćom vegetacijom (108,96), najvećim postotnim udjelom bjelančevina (42,20 %) te najmanjim sadržajem ulja (21,52 %). U klaster II su se grupirali genotipovi Altapro, Amphor, Apache, Buga, Daccor, Essor, Gallec, Josefina, Kent, Korana, Kurca, Lambton, Merlin, Minnpro, Naya, Oac Erin, Paradis, Primapro, Protina, Quito, Rita, Sepia i Toma.

U klaster III grupirala su se 24 genotipa koja se ističu najvećom prosječnom masom 1000 zrna (160,62 g) među klasterima kao i najvećim udjelom ulja u zrnu soje (22,47 %). Vrijednosti drugih komponenti ovog klastera su bile sljedeće, visina biljaka je bila 70,83 cm, broj mahuna po biljci 68,31, broj zrna po biljci 170,92, masa zrna po biljci 27,27, broj zrna po mahuni 2,51 i sadržaj bjelančevina 38,92 %. U ovaj su se klaster grupirali genotipovi Ana, Angela PZO, Balkan, Bristol, Cardiff, Color, Corbett, Cordoba, Dukat, Ema, Gala

PZO, Imari, Lucija, Mara, Merkur, Oac Wallace, Os-17-13, Sanda, Sanja, Satyna, Seka, Tisa, Venera i Zagrepčanka.

Klaser IV je činilo ukupno šest genotipova koje je karakterizirala najveća prosječna visina (80,92 cm), najveći prosječni broj mahuna (88,15), broj zrna (226,37) i masa zrna (33,60) po biljci te broj zrna po mahuni (2,58). Klaster IV se izdvojio kao najkasniji po zriobi (133) i po broju dana do početka cvatnje (41). U ovaj su se klaster grupirali genotipovi Goldor, Idefix, Neoplanta, Pr92b63, Sapporo i Sonja.



Graf 4. UPGMA dendrogram za 74 sorte soje na temelju Euklidske matrice udaljenosti 10 agronomskih svojstava u 2015. godini.

### 3.2.2.2. Klaster analiza genotipova soje na temelju agronomskih svojstava u 2016. godini

Grupiranje genotipova u 2016. godini na temelju 10 agronomskih svojstava određeno je klaster analizom na temelju euklidske matrice udaljenosti (Prilog 5), a genotipovi su grupirani prema UPGMA metodi u šest klastera (graf 5). Najmanja vrijednost genetske udaljenosti utvrđena je za parove Ika i Zora (0,42) te Korana i Cordoba (0,66). Najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Dukat i Paradis (11,06) te Dukat i Lambton (10,13). Prosječna genetska udaljenost svih parova iznosila je 4,23. Najmanje prosječne udaljenosti u odnosu na druge genotipove su imali genotipovi Tena (3,15) i Bolly 44 (3,23), a najveće prosječne udaljenosti Paradis (6,77), Altapro (6,77) i Dukat (6,41).

Genotipovi ( $n = 22$ ) uključeni u klaster I izdvajaju se kao najprinosniji (prosječna masa zrna po biljci iznosila je 27,37 g) i imaju najviši prosječni sadržaj ulja (22,17 %) u odnosu na ostale genotipove. Prosječna masa tisuću zrna je također visoka (184,77 g), za razliku od sadržaja bjelančevina, koji je nizak (36,68 %) u odnosu na ostale genotipove. U ovaj su se klaster grupirali genotipovi Alisa, Amphor, Angela PZO, Apache, Balkan, Bristol, Cardiff, Color, Corbett, Gala PZO, Imari, Josefina, Julijana, Lucija, Merlin, Naya, OAC Wallace, Os-17-13, Rita, Satyna, Sepia i Tena.

U klaster II izdvojio se 21 genotip, karakteristični po visokim biljkama (102,68 cm), najvećim brojem mahuna (75,60) i zrna (172,44) po biljci, visokom masom zrna po biljci (26,67 g), no s najnižim sadržajem bjelančevina u odnosu na ostale grupe genotipova (39,35 %). U klaster II su grupirani genotipovi Aliz, Ana Ns, Buga, Dukat, Ema, Ika, Jana, Julija, Kg Eden, Neoplanta, Primapro, Proteinka, Sanda, Sanja, Sapporo, Sara, Seka, Venera, Vita, Zagrepčanka i Zora.

Genotipovi Altapro, Minnpro i Protina čine klaster III. Navedeni genotipovi istaknuli su se najvećim udjelom bjelančevina u zrnu (45,28 %), najmanjim sadržajem ulja u zrnu (18,52 %) te najmanjom prosječnom masom tisuću zrna (148,33 g) u odnosu na ostale klasterne.

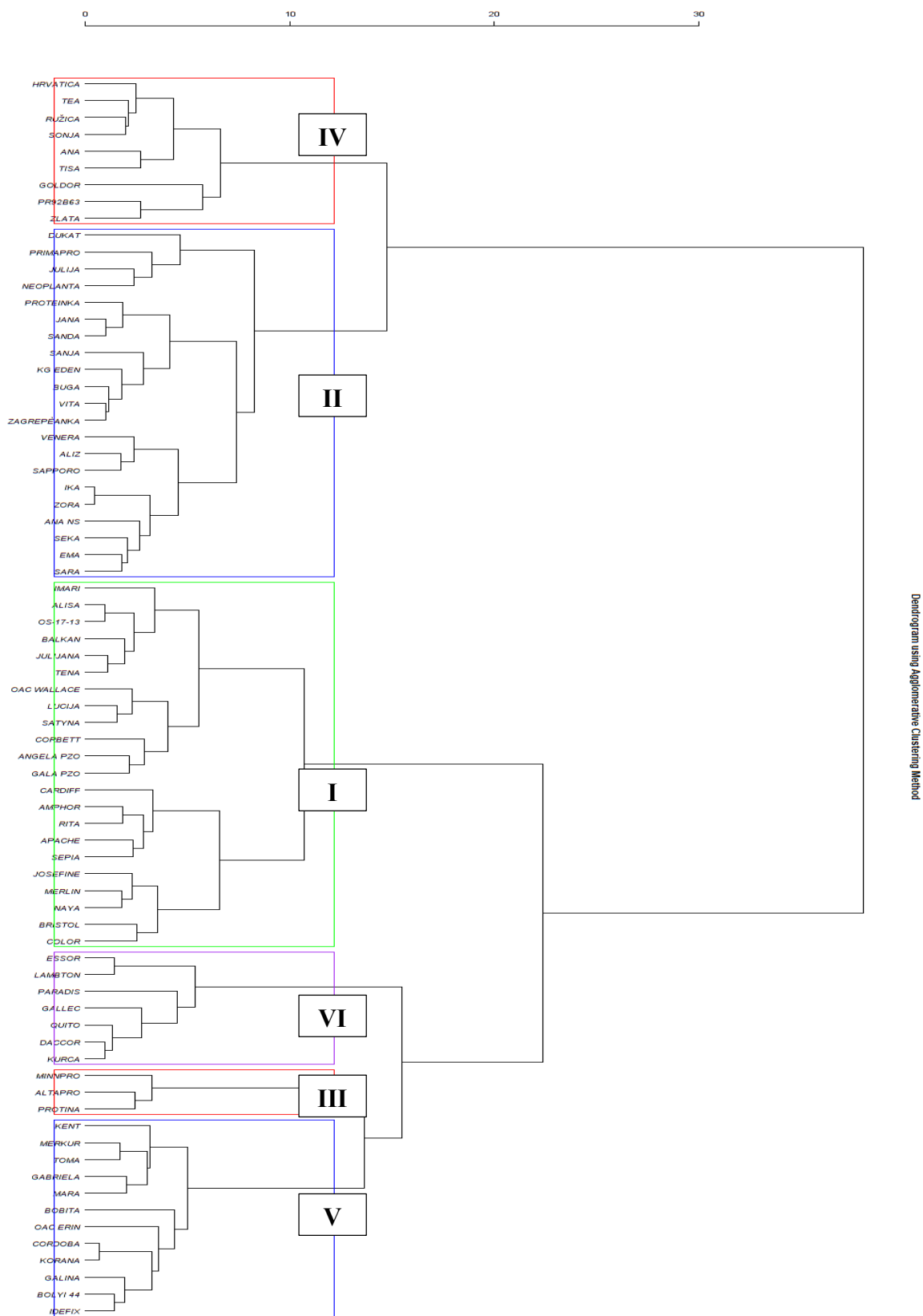
Klaster IV je činilo devet genotipova koje je karakterizirala najveća prosječna visina genotipova među klasterima (104,74 cm), najmanji broj zrna po mahuni (2,04), najduži period od nicanja do početka cvatnje (33,89) i zriobe (142,44). U ovaj su se klaster grupirali genotipovi Ana, Goldor, Hrvatica, Pr92b63, Ružica, Sonja, Tea, Tisa i Zlata.

Klaster V je činilo 12 genotipova koje je karakterizirao visok broj zrna po mahuni (2,35), najveći među klasterima, prosječna visina biljaka ovog klastera je bila 90,45 cm, biljke su prosječno imale 58,12 mahuna po biljci, 136,07 zrna po biljci, masa zrna po biljci



iznosila je 21,61 g, masa tisuću zrna 159,83 g, broj dana do zriobe je bio 116,92, sadržaj bjelančevina 39,90 %, a ulja 21,54 %. Ovdje su se grupirali genotipovi Bobita, Bolyi 44, Cordoba, Gabriela, Galina Idefix, Kent, Korana, Mara, Merkur, Oac Erin i Toma.

Klaser VI je sastavljen od sedam genotipova, a izdvojio se po genotipovima niske stabljike (62,33 cm), najmanjeg broja mahuna (52,56), broja zrna (107,13) i mase zrna (19,77) po biljci. Genotipovi su se karakterizirali najkraćim brojem dana do početka cvatnje (29,14), najkraćom vegetacijom (110,86), najvećom masom tisuću zrna (185,14 g) te visokim sadržajem bjelančevina (41,76 %). U ovaj klaster su se grupirali genotipovi Daccor, Essor, Gallec, Kurca, Lambton, Paradis i Quito.



Graf 5. UPGMA dendrogram za 74 sorte soje na temelju Euklidske matrice udaljenosti 10 agronomskih svojstava u 2016. godini.

### 3.2.3. Korelacija agronomskih svojstava

Prinos zrna soje rezultat je utjecaja brojnih komponenti i njihovih međudjelovanja. Međuzavisnost agromorfoloških svojstava na temelju podataka za 2015. i 2016. godinu određena je Pearsonovim (tablica 19) koeficijentom korelacije. Visoko značajna i vrlo jaka pozitivna korelacija utvrđena je između svojstava broja zrna po biljci (BZB) i broja mahuna po biljci (BMB), između mase zrna po biljci (MZB) i broja zrna po biljci (BZB) te između mase zrna po biljci (MZB) i broja mahuna po biljci (BMB). Visina biljaka (VB) i broj dana do zriobe (BDZR) bili su u jakoj pozitivnoj i visoko signifikantnoj povezanosti. Visina je biljaka također bila u statistički visoko značajnoj, ali slaboj povezanosti s brojem mahuna po biljci (BMB). Broj zrna po biljci (BZB) je bio u visoko značajnoj srednjoj povezanosti s brojem zrna po mahuni (BZPM). Masa zrna po biljci (MZB) i masa tisuću zrna (MTZ) su bili u visoko značajnoj umjereno pozitivnoj povezanosti. Između mase zrna po biljci (MZB) i svojstava visine biljaka (VB), broja dana do zriobe (BDZR) i sadržaja ulja je utvrđena vrlo slaba povezanost (tablica 20), dok je sa svojstvom broja zrna po mahuni (BZPM) utvrđena slaba povezanost.

Srednje jaka i negativna povezanost statistički visoko značajna utvrđena je za svojstva mase tisuću zrna (MTZ) i broja dana do početka cvatnje (BDCV) te sadržaja bjelančevina (SP) i broja dana do zriobe (BDZR). Pearsonovim je koeficijentom korelacije (tablica 19) između svojstava sadržaja bjelančevina (SP) i sadržaja ulja u zrnu (SU) utvrđena jaka negativna korelacija, statistički visoko značajna.

Tablica 19. Pearsonov koeficijenti korelacije za 10 svojstava u 2015. i 2016. godini (n=296).

	VB	BMB	BZB	MZB	BZPM	MTZ	BDCV	BDZR	SP
BMB	0,350**								
BZB	0,158**	0,858**							
MZB	0,174**	0,764**	0,819**						
BZPM	-0,263**	-0,040	0,470**	0,280**					
MTZ	0,070	0,031	-0,098	0,477**	-0,251**				
BDCV	-0,105	0,059	0,197**	-0,081	0,277**	-0,487**			
BDZR	0,576**	0,360**	0,248**	0,207**	-0,121*	-0,032	0,360**		
SP	-0,238**	-0,217**	-0,245**	-0,186**	-0,126*	0,044	-0,270**	-0,420**	
SU	-0,180**	0,044	0,144*	0,174**	0,210**	0,094	0,168**	0,063	-0,662**

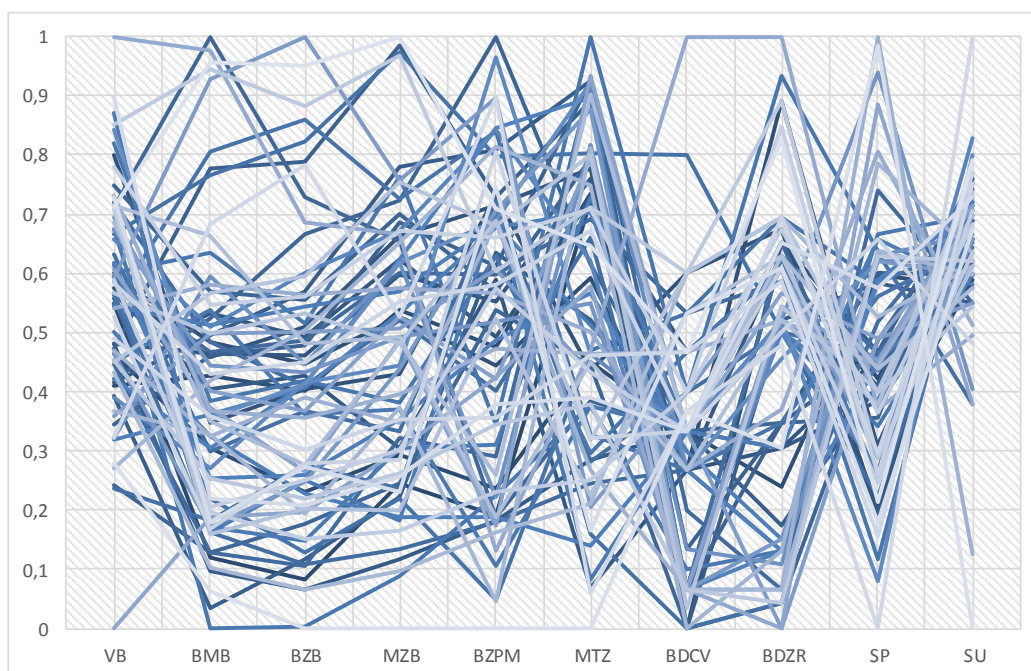
\*\* - statistički značajno na nivou  $P < 0,01$  (dvostrano), \* - statistički značajno na nivou  $P < 0,05$  (dvostrano)

VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%), MZB - masa zrna po biljci (g).

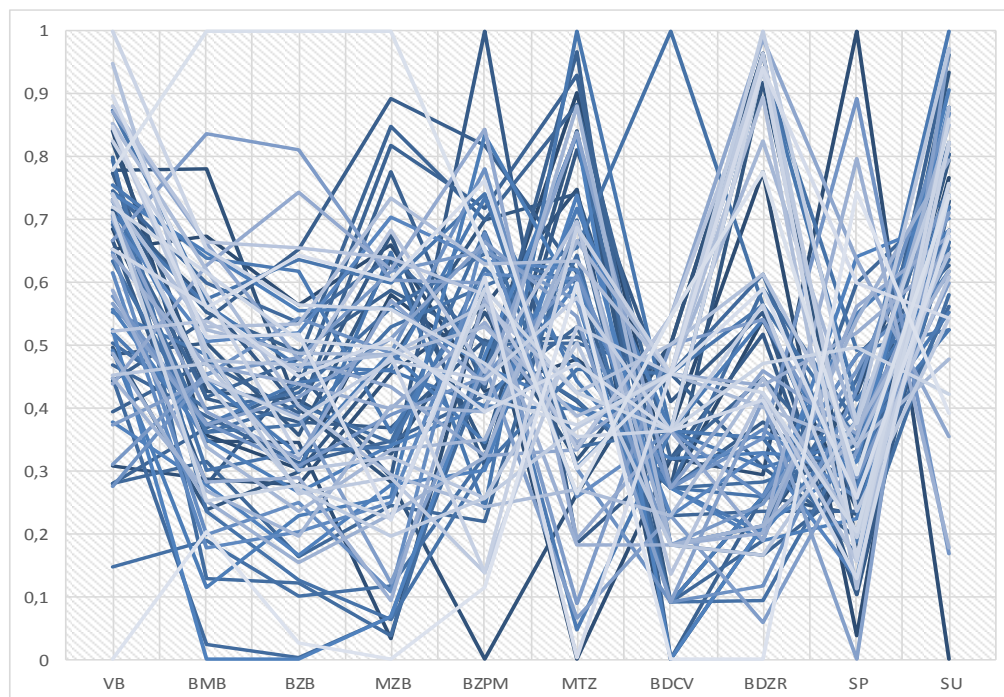
### 3.2.4. Prikaz paralelnih koordinata agronomskih svojstava

Prikaz paralelnih koordinata (PCP-*parallel coordinate plots*) učinkovita je tehnika za prikaz velikog broja podataka i njihovu vizualnu analizu. Opažanja prikazujemo kao kontinuirane linije koje prolaze kroz paralelne osi, a svaka os predstavlja jednu varijablu. Svaka neprekinuta linija predstavlja jedan genotip, a paralelne osi morfološka svojstva. Redoslijed prikazanih varijabli može utjecati na učinkovitost PCP metode, a jedna od najzastupljenijih tehnika je korelacijski raspored koordinata. U ovom istraživanju redosljedi koordinata grupirani su na temelju direktnih prinosa, a potom na temelju vegetacijskih te komponenata kvalitete.

Prikaz paralelnih koordinata za ispitivana agronomska svojstva je prikazan odvojeno po godinama, za 2015. godinu na grafu 6, za 2016. godinu grafu 7. Na grafovima se može uočiti struktura variranja i povezanost pojedinih svojstava tipičnih za godine ispitivanja. Na grafovima je za obje godine ispitivanja vidljivo da je svojstvo sadržaja ulja (SU) najmanje variralo među svojstvima. Masa 1000 zrna (MTZ) je podjednako bila zastupljena po svim vrijednostima tijekom obje godine ispitivanja dok su sadržaj bjelančevina (SP) i sadržaj ulja (SU) tijekom 2015. godine najvećim dijelom bili unutar prosjeka svojstava.



Graf 6. Dijagram paralelnih koordinata za genotipove soje prema ocjenama agronomskih svojstava u 2015. godini. VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).



Graf 7. Prikaz paralelnih koordinata za genotipove soje prema ocjenama agronomskih svojstava u 2016. godini. VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).

### 3.3. Grupiranje i diskriminantna analiza agronomskih i morfoloških svojstava

#### 3.3.1. Grupiranje genotipova na temelju agronomskih i morfoloških svojstava

Grupiranje genotipova u 2015. i 2016. godini na temelju morfoloških (H-ac, B-tr, B-hb, B-bd, L-nb, L-oll, L-vll, L-izb, C-b, M-isb, S-vz, S-oz, S-opr, S-bh i S-bf) i agronomskih (VB, BMB, BZB, MZB, BZPM, MTZ, BDCV, BDZR, SP i SU) svojstava određeno je klaster analizom na temelju euklidske matrice udaljenosti (Prilog 6), a genotipovi su grupirani prema UPGMA metodi (graf 8) u pet klastera. Najmanja vrijednost genetske udaljenosti utvrđena je za parove Ika i Sara (2,27), Ana NS i Seka (2,43) te genotipova Zora i Ika (2,65). Najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Paradis i Sapporo (13,97), Paradis i PR92B63 (13,79), Dukat i Paradis (13,53) te genotipova Zlata i Paradis (13,09). Prosječna genetska udaljenost svih parova iznosila je 7,29. Najmanje prosječne udaljenosti u odnosu na druge genotipove su imali genotipovi Vita (5,83) i Gala PZO (5,97), a najveće prosječne udaljenosti Paradis (10,49) i Altapro (10,06).

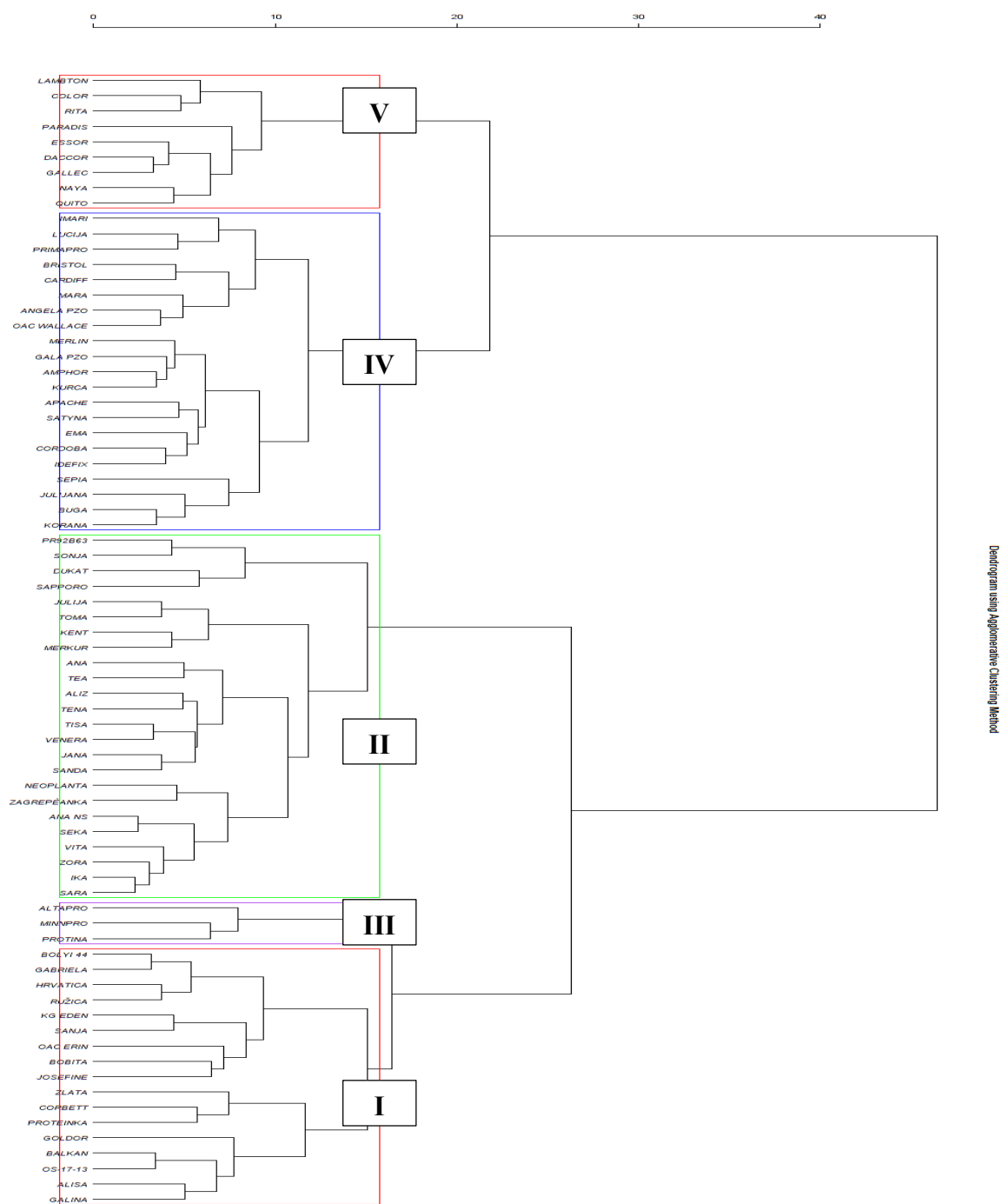
Klaster I uključuje 17 genotipova, pretežito bijele boje cvijeta, sivih dlačica stabljike, jačeg intenziteta zelene boje listova, i većeg udjela ulja u zrnu. U ovaj su se klaster izdvojili genotipovi: Alisa, Balkan, Bobita, Bolyi 44, Corbett, Gabriela, Galina, Goldor, Hrvatica, Josefine, Kg Eden, Oac Erin, Os-17-13, Proteinka, Ružica, Sanja i Zlata.

U klaster II izdvojila su se 24 genotipa, pretežito sive boje dlačica i ljubičaste boje cvijeta, indeterminiranog tipa rasta, visoke stabljike, većeg broja mahuna i broja zrna po stabljici, manjeg udjela bjelančevina u zrnu te najdužeg perioda od nicanja do početka cvatnje i zriobe. U ovaj klaster su se grupirali sljedeći genotipovi: Aliz, Ana, Ana Ns, Dukat, Ika, Jana, Julija, Kent, Merkur, Neoplanta, Pr92B63, Sanda, Sapporo, Sara, Seka, Sonja, Tea, Tena, Tisa, Toma, Venera, Vita, Zagrepčanka i Zora.

U klaster III grupirala su se 3 genotipa koja se ističu najvećim udjelom bjelančevina u zrnu, najmanjim sadržajem ulja u zrnu, najmanjom prosječnom masom tisuću zrna i masom zrna po stabljici među klasterima. U ovaj klaster su se grupirali sljedeći genotipovi: Altapro, Minnpro i Protina.

Klaster IV čini 21 genotip koje karakterizira indeterminiran tip rasta, ljubičasta boja cvijeta, pretežito smeđa boja dlačica, visok broj zrna po mahuni i masa zrna po biljci te visok udio ulja u zrnu. U ovaj klaster su se grupirali sljedeći genotipovi: Amphor, Angela PZO, Apache, Bristol, Buga, Cardiff, Cordoba, Ema, Gala PZO, Idefix, Imari, Julijana, Korana, Kurca, Lucija, Mara, Merlin, Oac Wallace, Primapro, Satyna i Sepia.

Klaster V čini 9 genotipova karakterističnih po smeđoj boji dlačica, ljubičastoj boji cvijeta, krupnog zrna, niske stabljike, manjeg broja mahuna i zrna po biljci, visoke mase tisuću zrna te kratke vegetacije. U ovaj klaster su se grupirali sljedeći genotipovi: Color, Daccor, Essor, Gallec, Lambton, Naya, Paradis, Quito i Rita.



Graf 8. UPGMA dendrogram za 74 genotipa soje na temelju Euklidske matrice udaljenosti na osnovu morfoloških i agronomskih svojstava (udaljenost je procijenjena na temelju Euklidske matrice udaljenosti).



### 3.3.2. Diskriminantna analiza agronomskih i morfoloških svojstava

U analizu su uključena sva agronomska svojstva kao nezavisne varijable, a za ovisnu klasifikacijsku varijablu odabrano je svojstvo vremena dozrijevanja kao svojstvo najčešće korišteno pri agromorfološkom razlikovanju genotipova soje (Ch.20, B-vdz). Ulazna matrica podataka je uključila sva mjerena svojstva, nedostajućih podataka (missing values) nije bilo.

Podaci iz univarijatne statističke analize ukazali su na postojanje klasifikacijskih (diskriminantnih) varijabli te je primijenjena «korak unaprijed» (forward stepwise) potprocedura «korak po korak» (stepwise) diskriminantne procedure.

U analizi su prvo izračunati Wilks' Lambda koeficijenti koji predstavljaju statistički značaj snage razlikovanja u modelu. Wilks' Lambda vrijednosti su raspona od 1 (nema klasifikacijskog značenja) do 0 (savršeno klasificiranje), što upućuje na mogućnost razlikovanja unaprijed odabranih grupa prema potvrđenim svojstvima. U analizi Wilks' Lambda koeficijent je izražen i putem standardne F-vrijednosti, koja je obrnuto proporcionalna ovom koeficijentu pa je i razlikovna snaga varijable veća što je F-vrijednost veća.

Za uvid u odnose varijabli i odabranih grupa vremena zriobe provedena je kanonička i korelacijska analiza temeljena na izračunu ukupnog broja mjerenih varijabli, čime je dobiven određen broj nezavisnih diskriminantnih funkcija (umanjenih za jedan od ukupnog broja varijabli) od kojih svaka daljnja sve manje doprinosi razlikovanju grupa. Za razmatranje doprinosa svakog agronomskog svojstva u diskriminaciji duž kanoničkih osi, izračunati su koeficijenti za sve varijable, a matrica je standardizirana kako bi skale za različita mjerna svojstava bile usporedive. Nakon što je analizom utvrđeno koja agronomska svojstva i u kojoj mjeri doprinose razlikovanju grupa duž pojedinih kanoničkih osi, izračunom kanoničkih srednjih vrijednosti utvrđena je i svojstvenost te diskriminacije za svaku os.

Na temelju rezultata diskriminantne analize određena je vjerojatnost pripadanja određenog genotipa određenoj grupi, u ovom slučaju govorimo o *post hoc* klasifikaciji, tj. genotipovi su klasificirani onoj grupi kojoj su se na temelju analiziranih svojstava pokazali najbližima, te je tako otkrivena i nepreciznost *a priori* determinacije grupa (ocjena).

Svaka ocjena odnosno grupa vremena dozrijevanja soje predstavljena je centroidom, aritmetičkom sredinom pojedine varijable u n-dimenzionalnom prostoru (gdje je n broj varijabli), a udaljenost svakog genotipa do centroida svake grupe izračunata je Mahalanobisovim koeficijentom udaljenosti.

## 3.3.2.1. Diskriminantna analiza genotipova soje u 2015. godini

U tablici 20 prikazane su informativne vrijednosti agronomskih svojstava za svaku grupu zavisne varijable. Prva grupa je klasificirana kao grupa s najmanjom visinom (VB), najmanjim brojem mahuna (BMB), zrna po biljci (BZB) i zrna po mahuni (BZPM), masom zrna po biljci (MZB) te najvećim udjelom bjelančevina (SP). Drugu grupu je karakterizirala najveća masa 1000 zrna (MTZ), dok su treća i četvrta grupa bile nositelj najvećeg udjela ulja (SU). Petu najkasniju grupu sačinjavali su najviši genotipovi, s najvećim brojem mahuna (BMB) i zrna po biljci (BZB) kao i masom zrna po biljci (MZB).

Tablica 20. Prosječne vrijednosti agronomskih svojstava po grupama diferenciranim prema vremenu zriobe, (Ch.20, B-vdz).

Svojstva	Grupa 1	Grupa 2	Grupa 3	Grupa 4	Grupa 5
VB	53,13	61,57	72,25	75,07	78,34
BMB	56,04	61,06	62,14	62,38	67,16
BZB	133,41	152,96	155,38	151,93	162,59
MZB	19,85	23,60	23,53	21,52	24,75
BZPM	2,39	2,50	2,50	2,44	2,41
MTZ	149,32	152,75	150,95	142,71	150,18
BDCV	33,56	35,42	36,25	37,69	39,00
BDZR	103,22	112,11	125,30	129,54	136,57
SP	45,69	44,45	42,43	41,14	42,23
SU	22,96	23,71	24,03	24,19	23,99

VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).

Statistički značajna razlika između zavisnih varijabli tj. u ovom slučaju skupina zriobe za svaku nezavisnu varijablu ( u ovom slučaju ispitivana svojstva) prikazane su u tablici 21. Na temelju kriterija po Wilks' Lambda modelu za analizu prve godine uključene su sljedeće varijable: visina biljke (VB), broj dana od nicanja do početka cvatnje (BDCV), broj dana od nicanja do zriobe (BDZR) te sadržaj bjelančevina (SP) i ulja (SU). Prema vrijednosti Wilks' Lambda koeficijentu (odnosno F-vrijednosti) svojstava soje koja u najvećoj mjeri doprinose međusobnoj različitosti su: broj dana od nicanja do zriobe (BDZR), visina biljke (VB), sadržaj bjelančevina (SP), broj dana od nicanja do početka cvatnje (BDCV) te sadržaj ulja (SU). Najslabije razlikovno svojstvo je masa 1000 zrna (MTZ).

Tablica 21. Rezultati diskriminantne analize u 2015. godini.

Svojstva	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
VB	0,523	15,74	4,00	69,00	0,000
BMB	0,938	1,14	4,00	69,00	0,344
BZB	0,948	0,95	4,00	69,00	0,440
MZB	0,942	1,06	4,00	69,00	0,382
BZPM	0,956	0,79	4,00	69,00	0,534
MTZ	0,966	0,60	4,00	69,00	0,665
BDCV	0,676	8,28	4,00	69,00	0,000
BDZR	0,087	180,98	4,00	69,00	0,000
SP	0,615	10,81	4,00	69,00	0,000
SU	0,855	2,92	4,00	69,00	0,027

broj varijabli u modelu = 10; zavisna varijabla = vrijeme dozrijevanja (Ch.20, B-vdz, 5 grupa). VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).

Najveća F-vrijednost dobivena je za broj dana do zriobe (BDZR), a *forward stepwise* analiza započinje s tom varijablom. Prema *stepwise* analizi u svaki se sljedeći korak dodatno uključuje varijabla koja maksimizira distancu. Pomoću Mahalonobis distance maksimizirala se diskriminacija između dvije najbliže grupe prema ocjeni svojstva zriobe. U 2015. godini najbliže su skupine sorti bile iz 3. i 4. grupe. U navedenoj godini svojstva broj dana od nicanja do zriobe (BDZR), masa zrna po biljci (MZB) i sadržaj ulja (SU) su bila ključna za analizu te su uspješno diskriminirala navedene grupe (tablica 22).

Tablica 22. Diskriminantna svojstva u 2015. za grupe 3 i 4.

Korak	Uključeno	Min. D Sq.					
		Stat.	Između grupa	Stat.	df1	df2	Sig.
1	BDZR	1,47	3 and 4	11,57	1,00	69,00	0,00
2	MZB	2,15	3 and 4	8,34	2,00	68,00	0,00
3	SU	2,56	3 and 4	6,53	3,00	67,00	0,00

MZB - masa zrna po biljci (g), BDZR - broj dana do zriobe, SU - sadržaj ulja (%).

Za prvi korak korištena je varijabla broj dana od nicanja do zriobe (BDZR) dok je u drugom koraku u analizu uz navedenu varijablu bila priključena i varijabla masa zrna po biljci (MZB). U drugom koraku na temelju broja dana od nicanja do zriobe (BDZR) razdvojene su 2. i 3. grupa dok je na temelju mase zrna po biljci (MZB) došlo do razdvajanja 3. i 4. grupe (tablica 23). U trećem koraku korištena je i varijabla sadržaj ulja (SU). Diskriminacija u trećem koraku na temelju broja dana od nicanja do zriobe (BDZR) razdvojila je 3. i 5. grupu.

Tablica 23. Diskriminantna analiza - *korak po korak* u razdvajanju grupa.

Korak	Svojstva	Toleranca	F	Min. D Sq.	Između grupa
1	BDZR	1,00	0,00		
2	BDZR	0,86	0,00	0,00	2 and 3
	MZB	0,86	0,03	1,47	3 and 4
3	BDZR	0,80	0,00	0,04	3 and 5
	MZB	0,81	0,01	1,64	3 and 4
	SU	0,90	0,02	2,15	3 and 4

MZB - masa zrna po biljci (g), BDZR - broj dana do zriobe, SU - sadržaj ulja (%).

U tablici 24 prikazan je doprinos svake diskriminantne funkcije u analizi. Na temelju prve funkcije objašnjeno je 99,3 % varijance, tj. 99,3 % diskriminantne snage sadržano je u prvoj funkciji. Na temelju visokog koeficijenta (0,965) kanoničke korelacije između originalnih i diskriminantnih varijabli prva funkcija se može nazvati temeljnom varijablom koja razdvaja grupe. Druga i treća funkcija su doprinijele svojom diskriminantnom snagom i jasno razdvojile grupe.

Tablica 24. Svojstvene vrijednosti diskriminantnih funkcija i kanonička korelacija za 2015.- u analizi su korištene prve 3 kanoničke diskriminantne funkcije.

Diskriminantna funkcija	Svojstvena vrijednost	% variance	Kumulacija %	Kanonička korelacija
1	13,513	99,33	99,33	0,96
2	0,048	0,35	99,68	0,21
3	0,043	0,32	100,00	0,20

Posljednja tablica 25 daje naznaku uspješnosti predviđanja pripadnosti unutar zavisne varijable tj. kategorizacija varijable korištenjem diskriminantne funkcije. Prva i druga skupina klasificirale su u potpunosti sve genotipove. Za genotipove treće grupe (B-vdz) uspješno je klasificirano 90 % genotipova, dva genotipa su pripadala više četvrtoj grupi zriobe, dok je u 4. grupu uspješno klasificirano 76,9 % genotipova. Za 23,1 % genotipova unutar 4. grupe utvrđeno je da većim djelom pripadaju u 3. grupu zriobe. Najslabije klasificiranje je bilo u najkasnijoj grupi zriobe, gdje je potvrđeno 64,3 % pripadnosti. Diskriminantna funkcija je svojom snagom za ovu grupu utvrdila pripadnost pet genotipova (35,7 %) u nižu grupu zriobe.

Uspoređujući izvorne i diskriminantne klasifikacije utvrđeno je da je 86,5 % genotipova uspješno klasificirano u izvornoj podjeli.

Tablica 25. Originalna i determinacijska vjerojatnost pripadanja grupama u 2015.

	B-vdz	Vjerojatnost pripadanja grupi					Ukupno
		1	2	3	4	5	
Izvorni podaci	1	9	0	0	0	0	9
	2	0	18	0	0	0	18
	3	0	0	18	2	0	20
	4	0	0	3	10	0	13
	5	0	0	0	5	9	14
%	1	100	0	0	0	0	100
	2	0	100	0	0	0	100
	3	0	0	90	10	0	100
	4	0	0	23,1	76,9	0	100
	5	0	0	0	35,7	64,3	100

## 3.3.2.2. Diskriminantna analiza genotipova soje u 2016. godini

Tablica 26 pokazuje prosječne vrijednosti agronomskih svojstava u 2016. za svaku grupu zavisne varijable (ispitivanih genotipova). Tako prvu grupu u 2016. kao i u 2015. godini možemo klasificirati kao grupu s najmanjom visinom (VB), najmanjim brojem mahuna (BMB), zrna po biljci (BZB), masom zrna po biljci (MZB) te najvećim udjelom bjelančevina (SP). Drugu grupu je također kao u 2015. karakterizirala najveća masa 1000 zrna (MTZ), dok je za ovu godinu zabilježen i najveći sadržaj ulja u zrnu (SU). Treća i četvrta grupa bile su nositelj najvećeg broja zrna po biljci (BZB) time rezultirajući i najveće mase zrna po biljci (MZB). Petu najkasniju grupu sačinjavali su najviši genotipovi, u 2016. ova je grupa imala najmanji broj zrna po mahuni (BZPM).

Tablica 26. Prosječne vrijednosti agronomskih svojstava po grupama diferenciranim prema vremenu zriobe, (Ch.20, B-vdz).

Svojstva	Grupa 1	Grupa 2	Grupa 3	Grupa 4	Grupa 5
VB	63,31	81,31	93,94	100,61	104,28
BMB	58,66	61,37	67,38	72,63	69,83
BZB	125,47	139,70	153,35	167,56	147,17
MZB	20,84	24,16	25,45	27,28	24,19
BZPM	2,14	2,28	2,28	2,31	2,12
MTZ	169,34	174,00	166,55	165,28	165,67
BDCV	29,50	30,22	31,73	32,46	32,93
BDZR	109,89	114,31	120,58	129,42	143,96
SP	44,57	43,76	42,73	41,84	42,71
SU	23,15	23,43	23,00	23,19	23,03

VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).

Prema vrijednosti Wilks' Lambda koeficijentu (odnosno F-vrijednosti) svojstava soje koja u najvećoj mjeri doprinose međusobnoj različitosti u drugoj godini ispitivanja (tablica 27) su broj dana od nicanja do zriobe (BDZR), visina biljke (VB), broj dana od nicanja do početka cvatnje (BDCV) te dalje redom broj zrna po biljci (BZB), broj mahuna po biljci (BMB), masa zrna po biljci (MZB), sadržaj bjelančevina (SP) i broj zrna po mahuni (BZPM). Najslabija razlikovna svojstva su bila sadržaj ulja (SU) i masa 1000 zrna (MTZ).

Tablica 27. Rezultati diskriminantne analize u 2016. godini.

Svojstva	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
VB	0,480	18,71	4,00	69,00	0,000
BMB	0,753	5,65	4,00	69,00	0,001
BZB	0,738	6,13	4,00	69,00	0,000
MZB	0,763	5,36	4,00	69,00	0,001
BZPM	0,831	3,51	4,00	69,00	0,011
MTZ	0,968	0,58	4,00	69,00	0,681
BDCV	0,569	13,06	4,00	69,00	0,000
BDZR	0,054	301,67	4,00	69,00	0,000
SP	0,808	4,10	4,00	69,00	0,005
SU	0,972	0,49	4,00	69,00	0,743

broj varijabli u modelu = 10; zavisna varijabla = vrijeme dozrijevanja (Ch.20, B-vdz, 5 grupa). VB - visina biljke (cm), BMB - broj mahuna po biljci, BZB - broj zrna po biljci, MZB - masa zrna po biljci (g), BZPM - broj zrna po mahuni, MTZ - masa 1000 zrna (g), BDCV - dana do početka cvatnje, BDZR - broj dana do zriobe, SP - sadržaj bjelančevina (%), SU - sadržaj ulja (%).

Najveća F-vrijednost dobivena je za broj dana do zriobe (BDZR), te *forward stepwise* analiza započinje s tom varijablom. Pomoću Mahalanobis distance maksimizirala se diskriminacija između dvije najbliže grupe (ocjene) zriobe. U 2016. godini najbliže su skupine genotipova bile iz 1. i 2. grupe. U toj su godini svojstva broj dana od nicanja do zriobe (BDZR), broj zrna po mahuni (BZPM) i visina biljke (VB) ušla u analizu te su diskriminirala grupe (tablica 28).

Tablica 28. Diskriminantna svojstva u 2016. za grupe 1 i 2.

Korak	Uključeno	Min. D Sq.					
		Stat.	Između grupa	Stat.	F	df1	df2
1	BDZR	2,43	1 and 2	14,60	1,00	69,00	0,00
2	BZPM	3,45	1 and 2	10,21	2,00	68,00	0,00
3	VB	4,12	1 and 2	8,01	3,00	67,00	0,00

VB - visina biljke (cm), BZPM - broj zrna po mahuni, BDZR - broj dana do zriobe.

Za prvi korak korištena je varijabla broj dana od nicanja do zriobe (BDZR) dok je u drugom koraku u analizu uz navedenu varijablu bila korištena i varijabla broj zrna po mahuni (BZPM). U drugom koraku na temelju broja dana od nicanja do zriobe (BDZR) razdvojene su 2. i 3. grupa dok je na temelju broja zrna po mahuni (BZPM) došlo do razdvajanja 1. i 2.

grupe (tablica 29). U trećem koraku korištena je i varijabla visina biljke (VB). Diskriminacija u trećem koraku na temelju broja dana od nicanja do zriobe (BDZR) razdvojila je 3 i 4 grupu.

Tablica 29. Diskriminantna analiza - *korak po korak* u 2016. u razdvajanju grupa 1 i 2.

Korak	Svojstva	Toleranca	F	Min. D Sq.	Između grupa
1	BDZR	1,00	0,00		
2	BDZR	0,98	0,00	0,00	2 and 3
	BZPM	0,98	0,02	2,43	1 and 2
3	BDZR	0,83	0,00	0,30	3 and 4
	BZPM	0,98	0,07	3,17	1 and 2
	VB	0,84	0,00	3,45	1 and 2

VB - visina biljke (cm), BZPM - broj zrna po mahuni, BDZR - broj dana do zriobe.

U tablici 30 prikazan je doprinos svake diskriminatorne funkcije u analizi. Na temelju prve funkcije objašnjeno je 95,57 % varijance, odnosno 95,57 % diskriminantne snage sadržano je u prvoj funkciji. Na osnovu visokog koeficijenta (0,97) kanoničke korelacije između originalnih i diskriminantnih varijabli prvu funkciju možemo nazvati temeljnom varijablom koja razdvaja grupe. Druga i treća funkcija su također doprinijele svojom diskriminantnom snagom i jasno razdvojile grupe.

Tablica 30. Svojstvene vrijednosti diskriminantnih funkcija i kanonička korelacija za 2016.- u analizi su korištene prve tri kanoničke diskriminantne funkcije.

Diskriminantna funkcija	Svojstvena vrijednost	% varijance	Kumulacija (%)	Kanonička korelacija
1	18,411	95,57	95,57	0,97
2	0,838	4,35	99,92	0,68
3	0,015	0,08	100,00	0,12

U 2016. godini (tablica 31) prva skupina uspješno je klasificirala 66,7 % genotipova, 33,3 % (3 genotipa) su pripala u drugu grupu zriobe. U drugoj skupini pripalo je 88,9 % genotipova, a 11,1 % u treću grupu. Za genotipove treće grupe (B-vdz) uspješno je klasificirano 80 % genotipova, iz ove su grupe dva genotipa pripala nižoj skupini (15 %), a jedan (5 %) više četvrtoj grupi. U 4. grupu uspješno je klasificirano 92,3 % genotipova, za 7,7 % genotipova unutar 4. grupe utvrđeno je da većim djelom pripadaju u 5. grupu zriobe. Najjače klasificiranje je bilo u najkasnijoj grupi zriobe, gdje je potvrđeno maksimalan postotak pripadnosti (100 %). Uspoređujući izvorne i diskriminantne klasifikacije u 2016.



utvrđeno je kao i za 2015. da se 86,5 % genotipova uspješno klasificirano prema izvornoj podjeli.

Tablica 31. Originalna i determinacijska vjerojatnost pripadanja grupama u 2016.

	B- vdz	Vjerojatnost pripadanja grupi					Ukupno
		1	2	3	4	5	
Izvorni podaci	1	6	3	0	0	0	9
	2	0	16	2	0	0	18
	3	0	3	16	1	0	20
	4	0	0	0	12	1	13
	5	0	0	0	0	14	14
%	1	66,7	33,3	0	0	0	100
	2	0	88,9	11,1	0	0	100
	3	0	15	80	5	0	100
	4	0	0	0	92,3	7,7	100
	5	0	0	0	0	100	100

## 4. RASPRAVA

Kako bi proizvodnja soje ostala na pozitivnoj i stabilnoj razini, pred oplemenjivačima je zadatak da se proširi uska genetska raznolikost modernih genotipova soje. Većina istraživanja germplazme kultivirane soje utvrđuje usku genetsku osnovu što ukazuje na potrebu prikupljanja germplazme i introdukcije genetski udaljenih sorata i introgresije poželjnih alela (Matoša Kočar, 2016.).

Budući da je genetska varijabilnost temelj za uspješno oplemenjivanje i sve metode koje pridonose njenoj preciznijoj procjeni ubrzavaju postupak dobivanja novih genotipova. Istraživanje genetske varijabilnosti je važno i za identifikaciju sorti, održavanje genetske čistoće i pri primjeni zaštite biljnih sorti (Ahmed, 2010.). Poznavanje genetske povezanosti među primkama bitno je u osmišljavanju budućih smjernica u oplemenjivanju na prinos, kvalitetu i otpornosti na štetnike (Tantasawat i sur., 2011.). Prema Sudarić i sur. (2008.) za maksimalno genetsko poboljšanje ključno je poznavanje genetske divergentnosti dostupne germplazme. Pri odabiru jedinki za križanja oplemenjivačima je od interesa koristiti što udaljenije roditelje jer će time dobiti veću varijabilnost u potomstvu (Sneller i sur., 2005.).

### 4.1. Vrijednosti morfoloških svojstava za utvrđivanje kriterija različitosti genotipova u postupku DUS ispitivanja

U ovom istraživanju korištene su grupe morfoloških svojstava prema DUS vodiču, a koja se koriste u službenim ispitivanjima za priznavanje i zaštitu novih biljnih sorti kako bi procijenili vrijednosti pojedinih. Od promatranih 19 morfoloških svojstava, jedno je bilo monomorfno (boja sjemene ljuske), a ostalih 18 su bili polimorfni. Uzimajući u obzir broj kategorija po svojstvu možemo zaključiti da je u procjeni genetske udaljenosti sveukupno razdvojeno 70 kategorija pa je i za očekivati bila veća genetska različitost u odnosu na agronomska. Određivanje genetske različitosti na temelju agronomskih osobina prati polimorfizam manjeg broja svojstava koja su podvrgnuta selekciji, samim time je i za očekivati manji stupanj genetske varijabilnosti za ista, ali je određivanje različitosti i udaljenosti na temelju njih od najvećeg značaja za proces oplemenjivanja i dobivanja poboljšanih genotipova u prinosu, otpornosti i kvaliteti.

Kako bi se temeljitije procijenili međuodnosi morfoloških svojstava koja se koriste u DUS postupcima priznavanja i zaštite soje i izdvojila ona s najvećim utjecajem za procjenu razlikovne vrijednosti grupe izvorne su ocjene podvrgnute analizi glavnih sastavnica (PCA).

Prema Perić (2015.) velika razlikovna vrijednost svojstva odgovara velikoj disperziji kategorija deskriptora u datoj dimenziji i većoj dužini vektora deskriptora.

Na temelju analize glavnih sastavnica možemo zaključiti da svojstva naboranost lista (L-nb), intenzitet zelene boje lista (L-izb) i habitus biljke (B-hb) koja su smještena u blizini koordinatnog ishodišta odnosno imaju kratke vektore, pokazuju slabu razlikovnu vrijednost. Svojstva sa najvećim pozitivnim i negativnim vrijednostima na osima daju najveći doprinos različitosti i najbolje diferenciraju genotipove (Malik i sur., 2014.). Sukladno ovome najveće su dužine vektora (PC1 i PC 2), a time i razlikovne vrijednosti imala svojstva početka cvatnje (B-pcv), vremena dozrijevanja (B-vdz), boja dlačica stabljike (B-bd), boja cvijeta (C-b), objenje hipokotila antocijanom (H-ac) i visina biljke (B-vs). Prema dobivenim vektorima prve i treće osi (PC 1 i PC 3) najveću razlikovnu vrijednost imaju svojstva na zrnu, boja funikule hiluma (S-bf) i boja hiluma (S-bh), a najmanju svojstva: intenzitet zelene boje lista (L-izb), habitus biljke (B-hb) i naboranost lista (L-nb).

Kako položaj vektora za svojstava u biplotu ukazuje na međusobne odnose i korelacije možemo zaključiti da je najveća pozitivna povezanost utvrđena za svojstva početka cvatnje (B-pcv), vremena dozrijevanja (B-vdz), visinu biljke (B-vs) i tip rasta biljke (B-tr). U odnosu na četiri navedena svojstva u dijagonalnom se kvadrantu nalazi svojstvo veličine zrna temeljem čega možemo utvrditi negativno koreliranu varijabilnost. Povećan udio sitnijeg zrna u kasnijim sortama visokih biljaka bi mogli protumačiti činjenicom da se uglavnom radi o indeterminantnom tipu rasta za koji je karakteristična produžena cvatnja, a time je povećana frekvencija kasnije oplodjenih zrna koja ostaju sitnija. Khan i sur. (2018.) su istraživanjem odnosa determinatnih i indeterminatnih tipova utvrdili utjecaj godine samo kod indeterminatnih i to za svojstva visine biljke, prinosa po biljci, površine lista, veličine zrna i mase 1000 zrna. Prema istim autorima indeterminatni su genotipovi imali kraću vegetaciju, veću prosječnu visinu biljaka, veći broj zrna po biljci te manju veličinu zrna.

Uzimajući u obzir Shannonov indeks raznolikosti, hi-kvadrat test, te PCA morfoloških svojstava dolazimo da zaključka kako je vrijeme dozrijevanja (B-vdz) svojstvo od najveće razlikovne vrijednosti pri DUS analiziranju genotipova. Naime Shannonov je indeks bio vrlo visok i iznosio je 0,98, jedino je vrijednost za boju dlačica stabljike (B-bd) bila neznatno veća (0,99), oba se svojstva prema hi-kvadrat testu nisu značajno razlikovala u vrijednostima očekivanih i zabilježenih frekvencija na temelju čega možemo zaključiti da je ispitivana populacija bila ujednačena po kategorijama za ta oba svojstva. Za razliku od boje dlačica (B-bd) koja ima dvije kategorije, u ovom istraživanju broj dana do zriobe (B-vdz) ima

izdiferenciranih pet kategorija te ga možemo smatrati efikasnijim u procjeni genetske različitosti. Zaključak je u skladu s brojnim drugim istraživanjima, prema Cuiu i sur. (2001.) razlike dobivene prema grupama zriobe su najbolji pokazatelj fenotipske različitosti genotipova, Iqbal i sur. (2010.) utvrđuju znatan utjecaj broja dana do zriobe na prinosne komponente. Kumar i sur. (2015.) također ističu da u procjeni genetske različitosti i međuodnosa agromorfoloških karakteristika veliki utjecaj ima svojstvo broja dana do zriobe, dok Perić (2015.) u svom istraživanju dužinu vegetacije isključuje iz analize i time potvrđuje da razlike u grupi zrenja predstavljaju učinkovit pokazatelj fenotipske različitosti.

Prema navedenom vidimo da je svojstvo vremena dozrijevanja (B-vdz) soje bilo najvažnije u diferencijaciji genotipova, zbog čega je i podvrgnuto diskriminantnoj analizi kako bi se utvrdila točnost grupiranja ispitivanih genotipova, odnosno kako bi procijenili učinak parametara grupiranja tj. broja dana i sorte primjere koji su navedeni za te grupa.

Temeljem provedene analize je zaključeno da najveći parcijalni doprinos razlikovanju ocijenjenih vrijednosti za zriobu istraživane populacije soje čini broj dana od nicanja do zriobe koji je tijekom obje godine genotipove razvrstao s visokom točnošću od 86,5 %. Tijekom 2015. godine prva i druga grupa dozrijevanja klasificirale su u potpunosti sve genotipove, a najslabije klasificiranje je bilo u najkasnijoj grupi zriobe. Ovdje je važno istaknuti da u sušnoj i vremenski vrlo oscilirajućoj godini poput 2015. kada dolazi do otežanog porasta biljaka proporcije rasporeda dozrijevanja za kasnije grupe bivaju narušene, a dobiveni rezultati diskriminantne analize upućuju na dodatni korak korištenja svojstava mase zrna po biljci (MZB) i sadržaja ulja (SU) za jasno razdvajanje genotipova.

U 2016. godini najjače klasificiranje je bilo u najkasnijoj grupi zriobe, gdje je potvrđeno 100 % pripadnosti za razliku od ranih grupa gdje je klasificiranje bilo najslabije. Ovdje je bitno naglasiti da u vlažnim i umjerenijim godinama poput 2016. kada nema zapreka normalnom razvijanju biljaka soje razina diferenciranosti prema broju dana do zriobe za ranije grupe zriobe biva slabije određena, ovakva se raspodjela genotipova prema diskriminantnoj analizi može dopuniti svojstvima broj zrna po mahuni (BZPM) i visina biljaka (VB). Prema navedenom, vidljivo je da *a priori* determinacija u sušnim godinama lošije svrstava kasnije genotipove, a u umjerenim godinama ranije genotipove.

## 4.2. Raznolikost germplazme soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava

Morfološka svojstva su od temeljne važnosti u karakterizaciji germplazme soje, opisima primki u gen bankama kao i selekciji poželjnih jedinki jer su fenotipski vidljiva, laka za očitati i pod malim utjecajem okoline.

Još početkom stoljeća utvrđena je povezanost boje cvijeta i boje hipokotila klijanaca razvijenih pri sunčevom osvjetljenju (Woodworth, 1923.). Klijanci biljaka s bijelim cvjetovima imaju zelene hipokotile dok ih biljke s ljubičastim cvjetovima imaju ljubičasto obojene. Prema Vratarić i Sudarić (2008.) nisu nađeni izuzeci od ovog pravila, a stabiljniji se pigment može kratko vidjeti nakon izbijanja kotiledona mladice iz tla. Prema Bilyeu i sur. (2010.) do sada je pronađeno i opisano veliki broj gena koji određuju pigmentaciju, genski par *W1w1* za bijelu boju cvijeta ujedno ima i pleiotropan učinak za boju hipokotila. Ljubičasta ili bijela boja je uvjetovana dominantnim odnosno recesivnim alelom lokusa *W1* koji pleiotropno djeluje na boju hipokotila (Palmer i sur., 2004.). U provedenom istraživanju potvrđena je povezanost antocijanskog obojenja hipokotila i boje cvijeta, a time su i frekvencije rasporeda genotipova prema tim kategorijama jednake. U ispitivanoj populaciji 79,7 % genotipova je imalo ljubičast cvijet, a time i antocijansko obojenje hipokotilla. Zabilježeni fenotipski odnos i u drugim se istraživanjima kretao u omjerima koji odgovaraju genetskoj kontroli nasljeđivanja ovog svojstva u kojem od dva alela jedan ispoljava punu dominaciju. Prema istraživanju Mikela i sur. (2010.) utvrđeno je 63 % ljubičastih i 37 % bijelih sorti, Perry i McIntosh, (1991.) su u 15 svjetskih regija utvrdili prosječan omjer koji je iznosio 74 % genotipova s ljubičastim cvijetom prema 26 % bijeloga cvijeta. Kako je svojstvo antocijanskog obojenja hipokotila podložno utjecaju okoliša i složenim genetskim odnosima treba obratiti veliku pažnju u očitavanju ocjena i tumačenju rezultata. O ovoj složenosti govori i istraživanje Muraia i sur. (2010.) koji također potvrđuju da dominantni *W1* alel stvara ljubičasto obojenje hipokotila bez obzira na alelno stanje *T* lokusa, hipokotil biljaka s recesivnim *w1* i *t* alelima ima zelenu boju bez prisustva antocijana dok biljke s recesivnim *w1* alelom i dominantnim *T* alelom stvaraju brončanu pigmentaciju na zelenom hipokotilu te sadrže dihidroksiliran antocijan. Isti autori naglašavaju kako je alelni odnos gena *W1* i *T* povezan sa sadržajima antocijanina u hipokotilu te su detaljna fiziološka istraživanja potrebna kako bi se utvrdio učinak okoliša (svijetla, dužine dana i dr.) na razlike u provedenim istraživanjima. Shannonov je indeks raznolikosti za boju cvijeta iznosio 0,73. U drugim se istraživanjima mogu pronaći različite vrijednosti indeksa, visoke indekse od 0,82 do 0,97 su utvrdili Perry i McIntosh (1991.); Perić (2015.); Yoon i sur. (2000.); Chavez

---

i sur. (2016.), dok su srednju vrijednost indeksa od 0,54 utvrdili Malik (2011.). Dong i sur. (2001.) su za divlje populacije utvrdili indeks raznolikosti 0,49, što je u suglasnosti s činjenicom da u divljim populacijama prevladava ljubičasti cvijet.

U ispitivanoj populaciji prevladavajući oblik tipa rasta biljaka soje je bio indeterminirani (86,5 %) pa je samim time i Shannonov indeks raznolikosti za ovo svojstvo bio nizak i iznosio je 0,40. Suprotno ovom istraživanju Guo i sur. (2014.) su proučavajući kinesku *core* kolekciju utvrdili visok indeks raznolikosti za ovo svojstvo te podjednak udio oba tipa rasta. Perry i McIntosh (1991.) su pri proučavanju USDA kolekcije germplazme također utvrdili visok Shannonov indeks za ovo svojstvo (0,94). Prema istim autorima preklapanje faza vegetativnog i generativnog razvoja biljaka predstavlja prilagodbu na kraću vegetacijsku sredinu sjevernih uzgojnih područja dok su sorte koje se uzgajaju u južnim uglavnom determinirane, što upućuje na povezanost tipa rasta sa porijeklom uzgojnog područja. Ovaj zaključak je u skladu s dobivenim rezultatima provedenog istraživanja s obzirom je ispitivana populacija od 74 genotipa porijeklom iz sjevernog uzgojnog područja. Gledajući raspon grupa zriobe ispitivane populacije (000 do II) možemo zaključiti da je u skladu s općom podjelom prema Heatherly i Smithu (2004.), tj. genotipovi do grupe zriobe IV su indeterminirani po tipu rasta, a genotipovi od V grupe su determinirani. Prilikom DUS ispitivanja treba biti oprezan na moguće utjecaje vanjskih čimbenika poput zasjenjivanja, polijeganja, kasnih sjetvi (Bernard, 1972.; Zanon i sur., 2016.) koje mogu imati utjecaj na određivanje tipa rasta, što u ovom istraživanju nije bio slučaj.

U ispitivanoj populaciji najveći broj genotipova je imao polu-uspravan i uspravan do polu-uspravan habitus (79,7 %), a Shannonov indeks raznolikosti za ovo svojstvo bio je srednje visok (0,74). Ovi su rezultati su u skladu s istraživanjem Malika (2011.) gdje je za uspravan i polu-uspravan habitus utvrđeno 79,35 % genotipova, a Shannonov indeks je iznosio 0,88. Habitus biljaka u velikoj mjeri ovisi o utjecaju okolišnih čimbenika prvenstveno prostoru koji biljka dobije za razvoj, primijenjenoj agrotehnici i vremenskim uvjetima. Ovo istraživanje uključilo je priznate genotipove koji se nalaze u proizvodnji, te je u skladu s istraživanjima u kojima je navedeno da moderni genotipovi najčešće imaju uspravan ili polu-uspravan habitus (Ramtake i Murlidharan, 2012; Perić, 2015.). Prema provedenom i drugim istraživanjima možemo utvrditi da proces domestikacije s primjenom intenzivne agrotehnike potencira gušće sklopove što posljedično dovodi do uspravnog tipa rasta.

U DUS ispitivanju soje kao grupirajuće svojstvo koristi se boja dlačica stabljike. Dlačice ili trihomi su prisutne na svim nadzemnim dijelovima biljke s razlikama među genotipovima u boji, gustoći, dužini, oštini i položaju. Uloga dlačica može biti u stvaranju fizičke otpornosti biljaka od štetnih insekata, a neki radovi upućuju i na ulogu flavonoida aglikona i glikozida koji se nalaze u dlačicama i njihovo obrambeno djelovanje protiv herbivornih štetnika (Simmonds 2003.). U ispitivanoj populaciji zastupljenost genotipova sa sivim i žuto-smeđim dlačicama je bila gotovo podjednaka što upućuje na vrlo visok Shannonov indeks (0,99). Provedeno je istraživanje u skladu s dobivenim rezultatima Perry i McIntosh (1991.), Perić (2015.) te Guo i sur. (2014.) koji su također utvrdili visoke vrijednosti indeksa raznolikosti odnosno podjednaku zastupljenost oba tipa. Suprotno ovom Ramteke i Murlidharan (2012.) u svom istraživanju utvrđuju prevladavanje žuto-smeđe boje (80 %).

U ispitivanoj populaciji najveći broj genotipova je bio srednje visine (52,7 %) što je uvjetovalo srednje visok Shannonov indeks raznolikosti (0,72).

Naboranost lista je za kategorije slaba do srednja, srednja i srednja do jaku obuhvatila 80,9 % ispitivane populacije i indeks raznolikosti za ovo svojstvo je bio visok (0,88). Slične rezultate u svom istraživanju je dobila Perić (2015.), u kojem je također najveća zastupljenost genotipova bila u grupi srednje naboranih, a Shannonov indeks je iznosio 0,75. Visok indeks raznolikosti (0,93) potvrdili su Chavez i sur. (2016.) u svom istraživanju fenotipske različitosti na 92 primke soje. Prema obliku lateralne liske soju grupiramo u četiri kategorije. U provedenom je istraživanju najzastupljeniji oblik bio ovalan s izraženim vrhom (82,4 %). Indeks raznolikosti razmjernan je neujednačenoj raspodjeli genotipova po kategorijama te iznosi 0,52. Sličan su indeks utvrdili Guo i sur. (2014.), a iznosio je 0,57, dok su Perry i McIntosh (1991.) utvrdili još nižu vrijednost od 0,31. Chavez i sur. (2016.) su u svom istraživanju također kao prevladavajuću formu utvrdili ovalni oblik s zašiljenim vrhom, dok u istraživanju Perić (2015.) prevladavaju podjednako forme ovalnog oblika (47 %) i ovalnog oblika sa zašiljenim vrhom (52 %). Prema Bernardu i Weissu (1973.) prevladavajući oblik širokog lista možemo tumačiti nasljeđivanjem koje je rezultat dominantnog homozigotnog stanja gena *LnLn*, a nasljeđivanje uskog oblika lista recesivnog *lnln*. Prema veličini lateralne liske najveći broj genotipova je imao srednju veličinu (44,6 %). Krisnawati i Adie (2017.) su također utvrdili srednju veličinu lista kao prevladavajuću, ali sa znatno većim udjelom genotipova (73 %). Vezano uz veličinu i oblik lista zanimljiva su istraživanja Jeongu i sur. (2012.) te Dinks i sur. (2002.) koji navode da genotipovi uskog

lista imaju veći broj zrna po mahuni od onih širokog lista. Prema zastupljenosti genotipova po kategorijama za svojstvo intenziteta zelene boje lista Shannonov je indeks različitosti iznosio 0,84, a najveći je broj genotipova imao srednji intenzitet zelene boje (43,2 %). Ovakav rezultat je u skladu s istraživanjem Chavez i sur. (2016.) koji su kao dominantnu grupu u svom istraživanju utvrdili srednji intenzitet obojanosti s visokim indeksom različitosti 0,84. Kumar i sur. (2008.) i Perić (2015.) su u svojim istraživanjima također za srednji intenzitet utvrdili najveću frekvenciju genotipova. U odnosu na ove rezultate Govindarao (2010.) je u svom radu na indijskim genotipovima utvrdio podjednak udio zelenih i tamno zelenih te izrazito nizak udio svjetlozelenih genotipova.

Prema intenzitetu smeđe boje mahuna slabog do srednjeg i srednjeg intenziteta je bilo 64,9 % genotipova. Shannonov indeks za ovo je svojstvo je bio visok (0,89). Visoke vrijednosti od 0,89 i 1 su utvrdili i Perry i McIntosh (1991.) te Perić (2015.). Malik (2011.) je među 10 kvalitativnih svojstava za intenzitet smeđe obojenosti mahune također utvrdio visok Shannonov indeks i najveći udio srednjeg intenziteta (59 %) što je također u skladu s ovim istraživanjem. Nešto drugačije rezultate dobili su Yoon i sur. (2000.) istraživajući 1830 primki korejske, kineske i japanske gen-kolekcije pri čemu su utvrdili srednji indeks raznolikosti (0,54) i prevladavanje smeđe obojenosti mahuna. He i sur. (2015.) navode tri osnovne kategorije obojenosti mahuna i to crne, smeđe i žuto-smeđe koje su kontrolirane dvama genetskim lokusima *L1* i *L2*, većina divlje populacije soje ima crne mahune. O važnosti ovog svojstva u morfologiji soje svjedoče i druga istraživanja (Bandillo i sur., 2017.), ali rezultati nisu usporedivi radi drugačijeg pristupa u podjeli intenziteta i boje.

Vizualnom ocjenom veličine zrna soje za malu do srednju veličinu utvrđen je najveći postotak (36,5 %) genotipova. Prema Hu i sur. (2013.) svojstvo veličine zrna pod utjecajem je velikog broja gena, a ima i značajan utjecaj kako na prinos tako i na kvalitetu soje. Za ovo je svojstvo utvrđen visok indeks raznolikosti (0,85) što je bilo u skladu s istraživanjem Malika (2011.) koji je u svom radu također utvrdio vrlo visok indeks (1,08), dok je Perić (2015.) suprotno ovom utvrdila nizak indeks raznolikosti (0,22). Oblik zrna soje je prema UPOV-om vodiču kategoriziran u četiri grupe, a u istraživanju smo kao prevladavajuću utvrdili okruglasto-spljošteno zrno (45,9 %), Shannonov indeks raznolikosti je iznosio 0,79. Prevladavanje ovog oblika u skladu je s istraživanjem Donga i sur. (2004.), Perić (2015) i Chaveza i sur. (2016.). Za razliku od navedenog u nekim istraživanjima najveći broj genotipova ima okruglast oblik (Ramteke i Murlidharan, 2012.; Malik, 2011.).



Svojstvo bojenja sjemenske ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti dijeli genotipove u dvije grupe, na one kod kojih dolazi do obojenja i one kod kojih obojenja nema. U istraživanoj populaciji veći broj genotipova (66,2 %) je pokazao obojenje sjemenske ljuske sa visokim Shannonovim indeksom. Sličan omjer su u svom istraživanju dobili Talla i sur. (2016.) gdje je zabilježen udio od 69 % genotipova. Suprotno ovim rezultatima Govindarao (2010.), Ramteke i Murlidharan (2012.) te Chavez i sur. (2016.) su u ispitivanoj populaciji utvrdili veći udio genotipova bez prisutnog obojenja. Nasljednost visoke aktivnosti peroksidaze u sjemenskoj ljuski pripisuje se dominantnom *Ep* genu, a niska je aktivnost posljedica homozigotnog recesivnog stanja *ep<sup>ep</sup>* (Buzzell i Buttery, 1969.). Lokus *Ep* koji kontrolira aktivnost peroksidaze u opni često se koristi kao enzimski marker u genetičkim istraživanjima te sredstvo u identificiranju genotipova (Griffin i sur., 1989.; Sahota i Desormeaux, 1990.; Gijzen i sur. 1993.). U ispitivanoj populaciji najveći je broj genotipova imao žuti hilum sa visokom vrijednošću Shannonovog indeksa raznolikosti. Perić (2015.) je u svom istraživanju za ovo svojstvo također utvrdila visok indeks raznolikosti, a najveći je broj genotipova također imao žuti hilum. Za razliku od ovih rezultata u brojnim drugim je istraživanjima najveći broj genotipova imao smeđu boju hiluma (Perry i McIntosh, 1991.; Malik, 2011.; Guo i sur., 2014.; Chavez i sur., 2016.) na što je utjecao sastav ispitivane populacije. U istraživanoj populaciji najveći broj genotipova (93,2 %) je imao boju funikule jednaku sjemenskoj ljuski. Perić (2015.) i Talla i sur. (2016.) su također utvrdi najveći broj genotipova s bojom jednako sjemenskoj ljusci, suprotno ovim rezultatima Govindarao (2010.) je u istraživanju na 24 sorte utvrdio u 92 % slučajeva obojenost različitu od sjemenske ljuske.

Prosječan indeks raznolikosti za 18 morfoloških svojstava prema DUS protokolu između ispitivane populacije genotipova soje je iznosio 0,77. Ova vrijednost indeksa ukazuje na visok stupanj morfološke raznolikosti. Svojstva kod kojih je distribucija genotipova pokazala visok stupanj varijabilnosti su: boja dlačica stabljike (B-bd), vrijeme dozrijevanja (B-vdz), obojenje ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti (S-opr), početak cvatnje biljaka (B-pcv), intenzitet smeđe boje mahuna (M-isb), naboranost lista (L-nb), veličina zrna (S-vz), intenzitet zelene boje lista (L-izb) te boja hiluma (S-bh). Niži stupanj varijabilnosti zabilježen je za svojstva boja funikule hiluma (S-bf), tip rasta biljaka (B-tr) i oblik lateralne liske (L-oll). Sastav referentne kolekcije iz koje su izuzeti genotipovi za ispitivanje nastao je prikupljanjem materijala koji mogu biti zastupljeni na području srednje i istočne Hrvatske i područjima sličnih uzgojnih uvjeta što opravdava činjenicu da je boja zrna soje isključivo

---

žuta jer je favorizirana potrošačkim navikama industrije i tržišta, s druge strane prevladavanje indeterminiranog tipa rasta rezultat je prilagodbe klimatskim uvjetima, podneblju i lokalnoj selekciji.

Agronomska svojstva su pod djelovanjem većeg broja gena slabijeg učinka, vrlo su podložna djelovanju okolišnih čimbenika, a oplemenjivački rad na njima je znatno složeniji, dugotrajan i skup u odnosu na kvalitativna (Martinčić i Kozumplik, 1996.). Visina uroda proizlazi iz komponenti uroda od kojih izdvajamo visinu biljke, broj plodnih etaža i mahuna po biljci, broj i masu zrna po biljci te njihovih kombinacija. Za visinu biljke utvrđen je statistički visoko značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije, a najveći udio u varijaciji svojstva pripada učinku godine. Govindarau (2010.) također zaključuje da je varijabilnost svojstva visine među genotipovima uvjetovana razlikama u genetskoj osnovi, a također može biti pod utjecajem agronomskih i okolišnih čimbenika. Učinak godine posljedica je različitih vremenskih prilika koje su prevladavale u godinama istraživanja. Koeficijent varijacije (CV) je u 2016. za 2,07 %, bio veći u odnosu na 2015. godinu. Kako u ispitivanoj populaciji prevladavaju indeterminirani tipovi soje, možemo reći da su povoljniji uvjeti u 2016. uvjetovali potpunije ispoljavanje svojstva te je i varijabilnost bila veća. Rezultati su u skladu sa zaključkom da svojstvo visine ovisi o grupi zrenja te da je kod pretežito determiniranih tipova glavni izvor varijacije učinak genotipa, a kod ostalih je grupa prevladavajući učinak okoliša (Perić, 2015.). Tijekom ispitivanja u 2016. godini prosječna visina ispitivane populacije bila je 90,3 cm što se podudara sa rezultatima Vratarić i Sudarić (2008.) koje zaključuju da se optimalna visina biljaka u agroekološkim uvjetima RH kreće od 90 cm do 110 cm koja se u odnosu na ukupnu varijabilnost smatra srednjom visinom. Nepovoljni vremenski uvjeti u 2015. uzrokovali su odstupanje od ovih zaključaka, a prosječna je visina bila manja za čak 21,3 cm u odnosu na 2016. godinu. Brojna su istraživanja u kojima je obrađeno ovo svojstvo, a raspon i krajnji rezultati ovisili su o sastavu ispitivane populacije i okolišnim čimbenicima (Govindarao, 2010.; Moe i Girdthai, 2013.; Krisnawati i Adie, 2017.; Malik i sur., 2011.).

Za svojstvo broj mahuna po biljci najveći udio u varijaciji kao i kod visine pripada učinku godine potom učinku genotipa, a najmanji interakciji. Pojava suše u ranijim stadijima cvatnje može dovesti do opadanja broja cvjetova, a u stadijima nalijevanja zrna do opadanja broja mahuna. Perić (2015.) je za broj mahuna također utvrdila utjecaj vanjske sredine kao najvažniji izvor variranja. Učinak genotipa je u vremenski nepovoljnijoj 2015. godini veći u odnosu na umjerenu 2016. godinu, a koeficijenti varijacije (CV) su po godinama ispitivanja

bili prilično visoki (2015. - 21,2 %, 2016. - 15,6 %). Aondover i suradnici (2013.) su također izdvojili broj mahuna po biljci uz prinos sjemena, visinu biljke i visinu do prve mahuna kao svojstva koja najviše određuju genetsku varijabilnost.

Za svojstvo broj zrna po biljci najveći udio u varijaciji svojstva pripada učinku genotipa. Prema Vratarić i Sudarić (2008.) ovo je svojstvo najvažnija komponenta uroda zrna soje i zavisi od broja mahuna po biljci i broja zrna po mahuni, varijabilnost je uvjetovana utjecajem genotipa te agroekološkim čimbenicima. Važnosti svojstva, broj zrna po biljci, potvrđuju i istraživanja Shadakshari i sur. (2011.), ono uz prinos zrna po biljci najviše pridonosi različitosti neke istraživane populacije. Varnica i sur. (2018.) utvrđuju najveći direktan utjecaj ovog svojstva na masu zrna po biljci i tijekom sušnih i umjerenih vremenskih prilika te se selekcija visokoprosinosa genotipova putem istog može odvijati bez obzira na vremenske uvjete. Iako su vremenske prilike tijekom ispitivanja bile klimatološki različite kao najveći izvor variranja utvrđen je učinak genotipa, što s činjenicom da se radi o jednoj od najvažnijih komponenti čini odabir genotipova presudnim za povećanje prinosa. Suprotno ovome, Perić (2015.) je za varijabilnost broja zrna prevladavajućim utvrdila utjecaj vanjske sredine. Različiti rezultati istraživanja mogu biti posljedica različite genetske strukture ispitivanog seta, varijabilnosti ispitivanih populacija kao i vremenskih uvjeta ispitivanja. Ghodrati (2013.) je za svojstvo broja zrna po biljci utvrdio nisku vrijednost heritabilnosti u širem smislu (37 %) dok su Kumar i sur. (2015.) u istraživanju utvrdili visoku vrijednost (76 %), navedeno je u skladu s činjenicom da heritabilnost ovisi o sastavu ispitivane populacije, uvjeta ispitivanja te metoda procjene.

Za svojstvo broj zrna po mahuni najveći udio u varijaciji pripada učinku godine, a najmanji interakciji. Analizom varijance je utvrđen statistički visoko značajan utjecaj genotipa što je u skladu s istraživanjima Jainu i sur. (2017.) i Vandana i sur. (2017.). Prosječna vrijednost svojstva tijekom dvogodišnjeg ispitivanja je bila 2,4. U drugim istraživanjima dobivene su manje vrijednosti od 2,0 (Cui i sur., 1991.). Ghodrati (2013.) je utvrdio identičnu vrijednost od 2,4, dok su Kumar i sur. (2015.) utvrdili veću vrijednost (2,9). Za razliku od ovog istraživanja gdje je utvrđeno da svojstvo značajno utječe na različitost genotipova, Shadakshariju i sur. (2011.) su na ispitivanoj populaciji utvrdili ujednačenost genotipova, odnosno svojstvo broja zrna po mahuni vrlo malo pridonosi različitosti promatrane populacije.

Najveći udio u varijaciji svojstva mase 1000 zrna pripada učinku godine, a najmanji interakciji. U skladu s dobivenim rezultatima Perić (2015.) je samo za rane genotipove

utvrdila prevladavajući učinak okoline, dok su I i II grupa imale podjednak učinak okoline i genotipa, a kod grupe III je utvrđen kao dominantan učinak genotipa. Ovdje je bitno napomenuti da je svojstvo pokazalo negativnu povezanost u obje godine ispitivanja s brojem dana do početka cvatnje, tj. genotipovi koji su ranije počeli s cvatnjom imali su veće izgleda za veću masu 1000 zrna. Suprotno navedenom, dužina vegetacije genotipova nije pokazala utjecaj na ovo svojstvo. Koeficijent varijacije (CV) je bio nešto veći u nepovoljnijoj 2015. u odnosu na 2016. (13 %, prema 11,9 %) iako brojni radovi svjedoče o znatno nižim vrijednostima, u istraživanju Kumara (2015.) CV je iznosio 6,44 %, ili o daleko većem CV od 39 % kojega su utvrdili Malik i sur. (2011.). Prosječna vrijednost MTZ u ispitivanoj populaciji tijekom dvogodišnjeg ispitivanja je iznosila 159 g. Gotovo ista vrijednost (162 g) utvrđena je u istraživanju Ghodrati (2013.) dok su manje vrijednosti zabilježene u istraživanjima Aditya i sur. (2001.) gdje je prosječna MTZ iznosila 99,8 g.

Najveći udio u varijaciji svojstva mase zrna po biljci pripada učinku godine, a najmanji interakciji. Koeficijent varijacije (CV) je u 2015. bio visok i iznosio je 28,6 %, a u 2016. je bio znatno manji s vrijednošću 16,7 %. Ovakvu razliku u koeficijentu varijacije među godinama ispitivanja kada je ona u nepovoljnijim uvjetima dosta veća možemo tumačiti u vidu genotipske specifičnosti ili sposobnosti prilagođavanja nepovoljnim okolišnim uvjetima. Koliko vremenski uvjeti mogu utjecati na prinos govori i istraživanje Raya i sur. (2015.), prema kojima se čak od 32 % do 39 % varijabilnosti prinosa može objasniti razlikama u klimi. Iako brojni autori u radovima potvrđuju pozitivnu povezanost prinosa zrna po biljci s dužinom vegetacije, u ovom istraživanju je utvrđena tek slabu povezanost i to samo tijekom nepovoljnije 2015. godine, dok korelacije s trajanjem vegetacije uopće nije bilo u 2016. Kao razlog možemo navesti povoljne vremenske uvjete u kojima su rani genotipovi uspjeli postići puni genetski potencijal i nisu se razlikovali u odnosu na kasnije genotipove. O važnosti ovog svojstva u selekciji ukazuju istraživanja Sudarić i sur. (2002.) u kojemu je utvrđeno da najviši pozitivan utjecaj na urod imaju masa i broj zrna po biljci, pri čemu je zabilježena najniža varijabilnost dok je u ovom istraživanju vrijednost bila vrlo visoka.

Prosječan broj dana do početka cvatnje tijekom dvogodišnjeg ispitivanja je iznosio 34 dana, a broj dana do zriobe 123 dana. Za svako uzgojno područje se može reći da je određeno svojim okolišnim čimbenicima, a za uzgoj soje su najvažniji fotoperiodizam, temperatura i režim padalina. Soja posebice reagira na fotoperiodizam, a time je određena i pripadnost pojedinoj grupi zriobe. Ova je reakcija uvjetovana genetski, a pripadajuća genetska

varijabilnost uvjetuje i razlike između grupa zriobe (Vratarić i Sudarić, 2008.). Sorte soje iz grupe 000 su prilagođene na visoke zemljopisne širine te su najmanje osjetljive na fotoperiodizam za razliku od kasnih sorti iz grupe X gdje vrijedi obrnuto. Reakcija na fotoperiod određuje faze razvoja biljaka, a time i mogućnosti postizanja visokih uroda, otpornosti na bolesti, suše, polijeganje, parametre kvalitete i dr. Prema Machikowoj i sur. (2005.) vrijeme trajanja vegetativne i generativne faze utječe na stvaranje ukupne biomase i formiranje prinostnih komponenti. U svakom uzgojnom području soje postoji optimalna grupa zriobe, za naše je uvjete karakteristična I grupa i na njoj se u oplemenjivačkim programima najviše radi na postizanju veće i stabilnije rodosti (Vratarić i Sudarić, 2008.). Prema istim autorima prosječna je dužina vegetacije za ovu grupu u našem području oko 130 do 135 dana. Tijekom vremenskih prilika u 2016. tipičnih za ovo područje izdiferencirala se grupa genotipova (klaster II) s prosječnim brojem dana do zriobe od 128, karakterističnih po visokim biljkama, visokim brojem mahuna i zrna po biljci te visokom masom zrna po biljci. Ovaj klaster čini 21 genotip, pretežito jugoistočnog Panonskog selekcijskog područja. Analizom ispoljavanja svojstava gena odgovornih za vrijeme dozrijevanja utvrđeno je da lokusi *E1* i *E2* imaju pleiotropne učinke među svojstvima vezanim za prinos i kvalitetu sjemena tj. djeluju kao ključne spojnice u regulaciji različitih svojstava (Fang i sur., 2017.; Miladinović i sur., 2018.). Prema Scottu i Aldrichu (1983.) fotoperiodični zahtjevi ograničavaju uzgoj soje na raspon zemljopisne širine od oko 200 km.

Prema rezultatima istraživanja najveći udio u varijaciji sadržaja bjelančevina pripada učinku genotipa zatim učinku interakcije te godine što je u suprotnosti s rezultatima drugih autora (Vollmann i sur. 2000.; Sudarić i sur. 2006.) koji utvrđuju utjecaj godine ili okoline većim u odnosu na sami genotip. Iako su vremenske prilike bila dosta različite tijekom godina ispitivanja kao objašnjenje ovih razlika možemo navesti genetski sastav ispitivane populacije, odnosno prisutnost visoko bjelančevinastih genotipova. Važno je naglasiti i razdoblje u kojem su nastupili nepovoljni uvjeti koji nisu naštetili ranim sortama već su one uspjele akumulirati veći sadržaj bjelančevina. Raspon sadržaja bjelančevina se kretao od 35 % do 46,3 % što je znatno uži raspon od istraživanja nekih drugih autora. Van Schoote (2012.) u svom istraživanju potvrđuje raspon od 33,1 % do 55,9 %. Prema istom autoru, visok sadržaj bjelančevina povezan je s niskim prinosom što otežava dobivanje visokoprinosnih bjelančevinastih genotipova. Prema Chenu (2004.) visok prinos je većinom dobiven selekcijom genotipova s umjereno visokim sadržajem bjelančevina (43 % - 45 %). Najveći udio u varijaciji sadržaja ulja u zrnu pripada učinku godine, zatim učinku genotipa

te njihovoj interakciji, ovakve su rezultate potvrdili Vollmann i sur. (2000.). Za razliku od navedenog Sudarić i sur. (2006.) prevladavajućim utjecajem na sadržaj ulja navode učinak genotipa. Prosječna vrijednost u 2015. godini je iznosila 22,1 %, a u 2016. iznosila je 21,6 %. Matoša (2016.) je također tijekom sušnijih uvjeta utvrdila veći sadržaj ulja u zrnu (25,06 %) u odnosu na vlažniju godinu istraživanja (21,25 %). Analizom varijance za svojstva sadržaja bjelančevina i ulja u zrnu utvrđen je značajan utjecaj interakcije genotipa i godine tijekom obje godine istraživanja što je u skladu s istraživanjem Popović i sur. (2012.). Iako klimatske promjene u vidu nepovoljnih režima padalina i temperature imaju izravan i često negativan utjecaj na količinu i kvalitetu prinosa ratarskih kultura (Kovačević i sur., 2013; Tucak i sur., 2016) u ovom istraživanju zabilježen je veći sadržaj ulja tijekom vremenski nepovoljnije i sušne 2015. godine dok je sadržaj bjelančevina gotovo podjednak.

#### 4.2.1. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju morfoloških svojstava

Prosječna standardizirana vrijednost euklidskih distanci morfoloških svojstava iznosila je 0,46. Nešto veću vrijednost od 0,52 zabilježila je Perić (2015.), no treba napomenuti da je populacija u tom istraživanju obuhvaćala stare i moderne sorte, eksperimentalne linije kao i germplazmu egzotičnog porijekla te je time i očekivano veća.

Na UPGMA dendogramu klaster analize na temelju 18 morfoloških svojstava izdvojilo se pet klastera. Klaster I uključuje 14 genotipova za koje je karakterističan bijeli cvijet. U klaster II izdvojio se samo jedan genotip i to OAC Erin, karakterističan po bijeloj boji cvijeta te poludeterminantnog do indeterminantnog tipa rasta. U klaster III grupirao se 31 genotip ljubičastog cvijeta i pretežito sive boje dlačica stabljike. Klaster IV čini 27 genotipova također ljubičastog cvijeta, ali s pretežito smeđom bojom dlačica stabljike. Klaster V karakterističan je po samo jednom genotipu Corbett, ljubičastog cvijeta, smeđih dlačica, srednje do visoke stabljike. U dobivenoj klaster analizi uočljiva su svojstva prema kojima su se genotipovi grupirali, a to je prvenstveno boja cvijeta, potom boja dlačica i tip rasta. Dobiveni obrazac grupiranja u skladu je s istraživanjem Perić (2015.) koja je u svom istraživanju kod morfoloških svojstava također utvrdila osnovno grupiranje prema boji cvijeta (odnosno boji hipokotila) na sorte bijelog i sorte ljubičastog cvijeta, podjela je dalje specificirana prema tipu rasta i boji dlačica. U nekim drugim istraživanjima (Gawande i sur., 2001.) genetskoj su divergentnosti u većoj mjeri pridonijela druga svojstva kao što su: habitus biljke, broj cvjetnih pupova, oblik liske i boja mahune u odnosu na boju cvijeta, boju lista i boju sjemene ovojnice.

U ovom istraživanju klaster analizom nije utvrđena povezanost diferenciranih grupa i geografskog porijekla pripadajućih genotipova. Rezultati su u skladu s istraživanjem Malika i sur. (2011.) koji je također utvrdio na istraživanim primkama nepodudaranje genetske različitosti genotipova i njihovog porijekla. Suprotno ovom, Perry i McIntosh (1991.) su analizirajući 2250 genotipova soje utvrdili povezanost morfoloških svojstava s geografskim porijeklom genotipova. Prema provedenim istraživanjima možemo utvrditi da krajnji rezultat ovisi o broju promatranih svojstava zatim o sastavu i veličini ispitivane populacije. Ovo istraživanje obuhvaća priznate genotipove, registrirane i zastupljene u proizvodnji koje se mogu uzgajati na području RH kao i genotipove drugih izvora, a koje prema svojim svojstvima odgovaraju sličnom obrascu geografskih i proizvodnih uvjeta.

#### 4.2.2. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju agronomskih svojstava

Prosječna vrijednost euklidskih distanci agronomskih svojstava u 2015. iznosila je 0,39, a u 2016. 0,4. Nešto slabiju raznolikost germplazme odnosno vrijednost euklidske distance od 0,24 utvrdila je Perić (2015.).

Prema drugim istraživanjima grupiranje genotipova soje prema agronomskim svojstvima uglavnom prati obrazac grupe dozrijevanja (Tavaud-Pirra i sur., 2009.), međutim ovim je istraživanjem uočeno da se tijekom vremenski oscilirajuće 2015. godine izdvajaju četiri 4 klastera od kojih su dva vrlo bliska po vremenu zriobe, klaster I s prosječnim vremenom zriobe od 127 dana i klaster III sa 128 dana, ali prema komponentama prinosa vrlo različita. Klaster I ima niske vrijednosti prinosa dok klaster III ima visoke vrijednosti. Dobivena četiri klastera također ukazuju da grupiranje genotipova ispitivane populacije nije pratilo obrazac geografskog porijekla što je u skladu s istraživanjem Kaga i sur. 2012. Nepodudaranje obrasca grupiranja s geografskim porijeklom može se povezati sa značajnim utjecajem vremenskih prilika na genetsku varijabilnost komponenti prinosa u populaciji, odnosno s različitom reakcijom prilikom prilagodbe stresnim uvjetima posebice genotipova sličnog geografskog porijekla.

Povoljnija 2016. godina je uvjetovala veći broj klastera odnosno jasnije grupiranje istraživane populacije, vremenske su prilike rezultirale razvojem punog genetskog potencijala genotipova i selekcijskih programa prema kojima su nastajali. Tako su se izdvojili genotipovi kratke vegetacije, niskih biljaka s malim brojem mahuna i mase zrna po biljci, ali i oni s visokim udjelom bjelančevina i najveće mase tisuću zrna, zatim genotipovi visokog udjela bjelančevina i najmanjeg udjela ulja. Uočeno je i izdvajanje genotipova kasne

zriobe najviših biljaka, najmanjeg broja zrna po mahuni, zatim genotipova visoke stabljike, najvećeg broja mahuna i zrna po biljci, male mase tisuću zrna s visokim prinom zrna po biljci te naposljetku genotipovi srednje visine stabljike, visokog broja zrna po biljci i zrna po mahuni, visoke mase tisuću zrna i najveće mase zrna po biljci. Za očekivati je bilo da će grupiranje genotipova pratiti geografsko porijeklo sorti radi fotoperiodskog uvjeta razvoja genotipova i selekcijskih programa, no to nije utvrđeno niti u 2016. Kao razlog može se navesti uska genetska osnova genotipova selekcioniranih u Hrvatskoj i Srbiji (Perić i sur., 2014.) i širem području jugoistočne Europe. Genotipovi drugih područja (zapadne Europe, SAD-a, Kanade) iako prostorno udaljeni radi bioloških svojstava kulture morali su biti prilagođeni ovom području što je *a priori* ograničilo populaciju na grupe zrenja od 000 do II, kao i statistički značajan utjecaj godine na većinu agronomskih svojstava (osim na broj zrna po biljci i sadržaj bjelančevina). Da razlike u grupiranju fenotipskih svojstava i porijekla mogu biti posljedica okolišnih čimbenika zaključuju i Liu i sur. (2011.) usporedbom genetske različitosti na temelju agronomskih i mikrosatelitskih podataka.

Manji broj klastera tijekom nepovoljnije 2015. možemo obrazložiti i činjenicom da veće variranje svojstava koje se dogodilo u toj godini može rezultirati u prikriivanju stvarne vrijednosti pojedinih svojstava i nepouzdanosti vrijednosti temeljem kojih se procjenjuje raznolikost neke skupine genotipova (Čupić, 2006.).

#### 4.2.3. Genetska udaljenost genotipova soje na temelju agromorfoloških svojstava

Grupiranje genotipova u 2015. i 2016. godini na temelju morfoloških i agronomskih svojstava zajedno određeno je klaster analizom koristeći euklidske matrice udaljenosti, a sorte su grupirane prema UPGMA metodi. Prosjek standardiziranih vrijednosti euklidskih distanci za agromorfološka svojstava u godinama ispitivanja je iznosila 0,42. Prosječna vrijednost distanci samo za morfološka svojstava je bila nešto veća i iznosila je 0,46, dok su prosječne vrijednosti agronomskih svojstava po godinama bile 0,39 i 0,4. Usporedbom srednjih vrijednosti genetskih distanci ispitivane populacije na temelju morfoloških i agronomskih svojstava možemo zaključiti da je različitost agronomskih svojstava manja u odnosu na morfološka svojstva. Slične je rezultate u svom istraživanju dobila Perić (2015.) gdje kao glavni razlog navodi da ispitivana populacija potječe iz sličnih agroekoloških uvjeta proizvodnje (000 do II) te dvostruko manji broj agronomskih svojstava u odnosu na morfološka, a među kojima često postoji povezanost. Dobiveni rezultati različitih vrijednosti genetskih distanci za agronomska i morfološka svojstva te različitost na DNA razini uz



pomoć molekularnih markera ovise o veličini i sastavu ispitivane populacije, promatranim svojstvima te determinacijskoj metodi. U istraživanjima gdje broj morfoloških svojstava sa svojim kategorijama prevladava u odnosu na broj molekularnih markera sljedivo i genetska različitost može biti veća prema morfološkim svojstvima i obrnuto, kada broj molekularnih prevladava nad morfološkim genetska je različitost veća za molekularne markere.

Grupiranje genotipova istraživane populacije na temelju morfoloških i agronomskih svojstava unutar dobivenih pet klastera nije pratilo obrazac geografskog porijekla kao i kod morfoloških i agronomskih svojstava zasebno. Perry i McIntosh (1991.) su utvrdili jake morfološke sličnosti primki soje Zapadnog oplemenjivačkog programa (uključujući Brazil) i kineskih primki, zatim Griffin i Palmer (1995.) su utvrdili da dug period domestikacije soje, a potom i trgovina u Aziji doprinose širenju alela u cijeloj azijskoj regiji čime je smanjen utjecaj geografskog porijekla na genotipsko grupiranje. Brown-Gudeira i sur. (2000.) su slično zaključili ukazavši također na nepostojanje geografskog utjecaja na varijabilnost genotipova među američkim polaznim linijama i introduciranog sortimenta.

#### 4.2.4. Karakterizacija i povezanost agronomskih svojstava

Prema Maleku i sur. (2015.) važno je odrediti utjecaj svakog svojstva kako bi mogli više pozornosti dati onima s većim učinkom. Za uspješnu je selekciju važno odrediti odnos komponenti prinosa sa samim prinosom, međudnose komponenta prinosa kao i promjene pojedinih komponenti pod utjecajem okoline (Vratarić i Sudarić, 2008.). Na temelju odnosa i povezanosti svojstava mogu se izdvojiti i ona koja se koriste kao pogodni pokazatelji prilagodljivosti genotipova na stresne uvjete (Varnica i sur., 2018.).

Visoko značajna i vrlo jaka pozitivna korelacija za svojstvo mase zrna po biljci (MZB) utvrđena je sa svojstvima broj zrna po biljci (BZB) te broj mahuna po biljci (BMB). Kobraee i Shamsi (2011.) su u svome istraživanju zaključili kako svojstvo broja zrna po biljci i u stresnim uvjetima ima najveći direktan utjecaj na prinos. Machikowa i Laosuwan (2011.) za broj mahuna po biljci utvrđuju najveći pozitivan učinak na prinos sjemena. Istraživanje Sammoura (2011.) koji objedinjuje radove Rajanna i sur. (2000.), Malika i sur. (2006.; 2007.) i Ngona i sur. (2006.) također potvrđuje pozitivnu korelaciju prinosa zrna s brojem mahuna po biljci. Selekcija obavljena na temelju navedenog svojstva direktno utječe na povećanje prinosa zrna.

Masa zrna po biljci (MZB) i masa tisuću zrna (MTZ) su bili u statistički značajnoj ( $p < 0,01$ ) umjereno pozitivnoj povezanosti iako neki autori (Kumar i sur., 2015.) navode da

je među prinosnim komponentama najveći utjecaj mase tisuću zrna (MTZ) na prinos sjemena. Prema nekim su istraživanjima glavna svojstva koja determiniraju prinos u uvjetima vodnog stresa, broj mahuna po biljci, broj zrna po mahuni i masa 100 sjemenki (Ohashi i sur., 2009.; Zhao i sur., 2018.), ove komponente predstavljaju važan preduvjet nakupljanju asimilata tijekom reproduktivne faze (Zhao i sur., 2018).

Između mase zrna po biljci (MZB) i visine biljaka (VB), broja dana do zriobe (BDZR), i sadržaja ulja je utvrđena vrlo slaba povezanost. Za odnos mase zrna (MZB) i visine (VB) Iqbala i sur. (2010.) također ne utvrđuju povezanost dok s druge strane Moe i Girdthai (2013.) utvrđuju značajnije povezanosti. Malik i sur. (2011.) i Ghodrati (2013.) su također utvrdili značajne i pozitivne korelacije. Kao razlog u odstupanju rezultata možemo navesti znatne razlike u vremenskim prilikama po godinama istraživanja gdje su u sušnoj 2015. raniji genotipovi uspjeli ostvariti više prinose. Malik (2011.) također navodi da genotipovi soje ranih grupa dozrijevanja pružaju mogućnost izbjegavanja sušnih perioda uz ostvarenje zadovoljavajućeg prinosa. Za odnos mase zrna po biljci (MZB) i broja zrna po mahuni (BZPM) utvrđena je slaba povezanost što je u skladu s istraživanjem Moe i Girdthaia (2013.).

Srednje jaka i negativna povezanost utvrđena je za svojstva mase tisuću zrna (MTZ) i broja dana do početka cvatnje (BDCV) što je i za očekivati jer se kasnijom cvatnjom skraćuje period nalijevanja zrna. Za svojstva sadržaja bjelančevina (SP) i broja dana do zriobe (BDZR) također je utvrđena srednje jaka i negativna povezanost, što je u skladu s istraživanjem Balešević-Tubić i sur. (2012.) koji navode da genotipovi kasnijih grupa zrenja imaju veći sadržaj ulja i veći prinos zrna te manji sadržaj bjelančevina u odnosu na ranije genotipove.

Između svojstava sadržaja bjelančevina (SP) i sadržaja ulja u zrnu (SU) utvrđena je jaka negativna korelacija, što je u skladu s drugim istraživanjima od kojih izdvajamo istraživanje Burtona i Mirande (2013.) te istraživanje Chunga i sur. (2003.) koji zaključuju da povećanje bjelančevina od 2 % prati smanjenje sadržaja ulja za 1 %.

### **4.3. Genotipovi nositelji prinosnih komponenti**

Sudarić i sur. (2004.) svojim istraživanjem zaključuju da su komponente prinosa pouzdaniji kriterij selekcije nego sam prinos radi veće heritabilnosti i boljeg selekcijskog napretka.

Za svojstvo mase zrna po biljci kod kojeg je utvrđen prevladavajući učinak godine na varijabilnost, tijekom dvogodišnjeg ispitivanja su se izdvojili genotipovi Cardiff, Sapporo, Bristol, Goldor, Dukat, Corbett, Color, Satyna, Imari, Sonja, Neoplanta, Lucija i Balkan, koji su imali najveću masu (28 g do 34 g) i nisu se statistički međusobno razlikovali ( $p < 0,01$ ). Ovo je svojstvo produkt drugih komponenti kao što su broj mahuna po biljci, broj zrna po mahuni, masa tisuću zrna, a uz sklop biljaka presudno je za konačan prinos soje po hektaru. U rezultatima je potvrđen visok učinak genotipa na svojstvo broja zrna po biljci. Genotipovi koji su tijekom dvogodišnjeg ispitivanja imali najveći broj zrna po biljci (204-226) su Sapporo, Dukat i Neoplanta među kojima nije bilo statistički značajne razlike ( $p < 0,05$ ). Uz ova tri genotipa u 20 % s najvećim brojem zrna po biljci (175 – 187) možemo pridodati genotipove Primapro, Zagrepčanka, Goldor, Idefix, Bristol, Cardiff, Sonja, PR92B63, Seka te Lucija koji se međusobno također nisu statistički razlikovali ( $p < 0,05$ ), a koji također mogu biti od značaja u oplemenjivanju genotipova na ovu komponentu te u konačnici i na sam prinos. Sadržaj bjelančevina ispitivane populacije soje se kretao u rasponu od 36,6 do 46 gdje se izdvajaju 10 genotipova (Zlata, Eссор, Kent, Kurca, Quito i Primapro) s najvećim udjelom od 41,9 do 42,9, među kojima nema statistički značajne razlike ( $p < 0,01$ ). Slijede Paradis, Protina i Minnpro s udjelom od 44,2 do 45,2 među kojima također nije bilo statistički značajne razlike ( $p < 0,01$ ) te u konačnici Altapro genotip s najvećim udjelom bjelančevina od čak 46 % koji se izdvojio od svih ostalih ( $p < 0,05$ ). Navedene genotipove možemo koristiti kao potencijalnu germplazmu za poboljšanje svojstva udjela bjelančevina u znu. Kao visoko-uljne genotipove u populaciji gdje se raspon udjela ulja kretao od 18 % do 23,2 % izdvajaju se genotipovi Sapporo, OAC Wallace, Josefina, Lucija, Color i Zagrepčanka s rasponom od 22,9 % do 23,2 %, među kojima nije bilo statistički značajne razlike. Iste možemo upotpuniti grupom genotipova Aliz, Apache, KG Eden, Tisa i Venera sa sadržajem od 22,7 % ulja koje također mogu biti potencijalna germplazma za poboljšanje ovoga svojstva.

Od drugih komponenti prinosa prema dvogodišnjem ispitivanju za poboljšanje svojstva visine biljke ( $>99,8$ ) možemo izdvojiti genotipove Sara, Sonja, Ika, Zlata i PR92B63, za poboljšanje svojstva broja mahuna po biljci izdvajamo genotipove s najvećim brojem ( $>80$ ), a to su Sonja, Sapporo, PR92B63, Neoplanta i Dukat, potencijalni izvori za oplemenjivanje na svojstvo broja zrna po mahuni ( $>2,57$ ) su Zora, Kent, Mara, Bristol i Bobita, od značaja za oplemenjivanje svojstva mase tisuću zrna ( $>185$ ) izdvajaju se genotipovi Eссор, OS-17-13, Color, Cardiff i Imari.

## 5. ZAKLJUČCI

1. Za procjenu razlikovne vrijednosti DUS morfoloških svojstava možemo zaključiti da svojstva naboranost lista, intenzitet zelene boje lista i habitus biljke pokazuju slabu razlikovnu vrijednost. Svojstva koja daju najveći doprinos utvrđivanju različitosti i najbolje diferenciraju genotipove su početak cvatnje, vrijeme dozrijevanja, boja dlačica stabljike, boja cvijeta odnosno obojenje hipokotila antocijanom te visina biljaka. Prema provedenom istraživanju možemo zaključiti kako je vrijeme dozrijevanja svojstvo od najveće razlikovne vrijednosti. Najveći parcijalni doprinos razlikovanju ocijenjenih vrijednosti za zriobu istraživane populacije soje čini broj dana od nicanja do zriobe koji je tijekom obje godine genotipove razvrstao s visokom točnošću od 86,5 %. U sušnoj i vremenski vrlo oscilirajućoj godini kada proporcije rasporeda dozrijevanja za kasnije grupe bivaju narušene dobiveni rezultati diskriminantne analize upućuju na dodatni korak korištenja svojstava mase zrna po biljci i sadržaja ulja za jasno razdvajanje genotipova. U vlažnim i umjerenijim godinama razina diferenciranosti prema broju dana do zriobe za ranije grupe zriobe biva slabije određena, ovakva se raspodjela genotipova prema diskriminantnoj analizi može dopuniti svojstvima broj zrna po mahuni i visina biljaka.

2. Procjenom genetske udaljenosti promatrane populacije soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava najmanje su vrijednost genetske udaljenosti utvrđene za parove Ika i Sara, Ana NS i Seka te genotipova Zora i Ika. Najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Paradis i Sapporo, Paradis i PR92B63, Dukat i Paradis, Sapporo i Altapro, Zlata i Paradis te genotipova Neoplanta i Paradis. Grupiranje genotipova istraživane populacije nije pratilo obrazac geografskog porijekla kako kod morfoloških i agronomskih svojstava zasebno tako i u objedinjenoj obradi. Prema provedenim istraživanjima možemo utvrditi da krajnji rezultat ovisi o broju promatranih svojstava kao i o sastavu promatrane populacije.

3. Za sva ispitivana agronomska svojstva utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine te njihove interakcije. Za svojstvo mase zrna po biljci tijekom dvogodišnjeg ispitivanja izdvojili su se genotipovi Cardiff, Sapporo, Bristol, Goldor, Dukat, Corbett, Color, Satyna, Imari, Sonja, Neoplanta, Lucija i Balkan, koji su imali najveću masu. Navedeni genotipovi predstavljaju potencijalnu germplazmu za poboljšanje svojstva prinosa zrna po biljci. Kao potencijalnu germplazmu za poboljšanje svojstva udjela bjelančevina u ispitivanoj populaciji soje izdvajaju se genotipovi Paradis, Protina i Minnpro s udjelom od 44,2 do 45,2 te Altapro genotip s najvećim udjelom bjelančevina od 46 %. Kao visoko-uljne

genotipove s rasponom od 22,9 % do 23,2 % možemo izdvojiti genotipove Sapporo, OAC Wallace, Josefina, Lucija, Color i Zagrepčanka.

4. Svojstvo broj zrna po biljci ima najviši koeficijent korelacije s prinosom, a kako je učinak genotipa bio prevladavajući u ispoljavanju varijabilnosti u odnosu na godinu i interakciju, izbor genotipova visokih prinosa se na temelju ovog svojstva može obaviti izravno bez obzira na promjenjive vremenske uvjete.

---

## 6. LITERATURA

1. Abdelnoor, R. V., Barros, E. G., Moreira, M. A. (1995.): Determination of genetic diversity within brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. *Brazilian Journal of Genetics*, Vol. 18, pp. 265-273.
2. Acquaah, G. (2012.): *Principles of plant genetics and breeding*. Second Edition, Bowie State University, Maryland, USA. John Wiley & Sons, Ltd, 1-740.
3. Ahmed, M. F., Iqbal, M., Masood, M. S., Rabbani, M. A., i Munir, M. (2010.): Assessment of genetic diversity among Pakistani wheat (*Triticum aestivum* L.) advanced breeding lines using RAPD and SDS-PAGE. *Electronic Journal of Biotechnology* ISSN, 13, 1-10.
4. Akbar, M. S., Gabrys, B. (2018.): Data analytics enhanced data visualization and interrogation with parallel coordinates plots. *International Conference on Systems Engineering*, 26th, 10.1109/ICSENG.2018.8638183.
5. Aondover, S., Lateef-Lekan, B., Terkimbi, V. (2013.): Correlation, path coefficient and principal component analysis of seed yield in soybean genotypes. *International Journal of Advanced Research*, 1(7): 1-5.
6. Appunu, C. C., Sen, D., Singh, M. K. & B. Hh. (2008): Variation in symbiotic performance of bradyrhizobium japonicum strains and soybean cultivars under field conditions. *Journal of Central European Agriculture*, 9(1): 169-173.
7. Babić, V., Babić, M., Filipović, M., Delić, N., Purar, B. (2011.): Vizuelna ocena fenotipa po UPOV deskriptoru i srodnost linija kukuruza. *Ratar. Povrt.*, 48: 321-326.
8. Bains, N. S., Singh, S., Dhillon, B. S. (2012.): Enhanced utilization of plant genetic resources in crop improvement programmes. *Indian J. Plant Genet. Resour.*, 25(1): 52–62.
9. Balešević-Tubić, S., Đorđević, V., Miladinović, J., Đukić, V., Tatić, M. (2011.): Stability of soybean seed composition. *Genetika*, 43(2): 217-227.
10. Bandillo, N. B., Lorenz, A. J. Graef, G. L. Jarquin, D. Hyten, D. L. Nelson, R. L. Specht, J. E. (2017.): Genome-wide Association Mapping of Qualitatively Inherited Traits in a Germplasm Collection. *Plant Genome* 10.
11. Bellaloui, N., Smith, J. R., Ray, J. D., Gillen, A. M. (2009.): Effect of maturity on seed composition in the early soybean production system as measured on near-isogenic soybean lines. *Crop Sci.*, 49: 608–620.

12. Beljo, J., (2012.). Tehnike oplemenjivanja bilja. Sveučilište u Zadru, Odjel za ekologiju, agronomiju i akvakulturu. Zadar.
13. Bernard, R. L. (1972.): Two genes affecting stem termination in soybeans. *Crop Sci.*, 12: 235–239.
14. Bernard, R. L., Weiss, M. G. (1973.): Qualitative genetics. In: Caldwell BE (ed.) *Soybean: Improvement, production and uses*. AM, 16. ASA, Madison, WI.
15. Berthaud, J., Gepts, P., (2004.): Assessment of effects on genetic diversity; in: *Maize and Biodiversity: The Effects of Transgenic Maize in Mexico*; chap. 3; North American Commission on Environmental Cooperation (CEC).
16. Bilyeu, K., Ratnaparkhe, M. B., Kole, C. (2010.): *Genetics, genomics and breeding in soybean*. Published by Science Publishers, P.O. Box 699, Enfield, NH 03748, USA.
17. Bisen, A., Khare, D., Nair, P., Tripathi, N. (2015.): SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine Max* (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiol. Mol. Biol. Plants*, 21: 109–115
18. Brown-Guedira, G. L., Thompson, J. A., Nelson, R. L., Warburton, M. L. (2000.): Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and north american ancestors using RAPD and SSR Markers. *Crop Sci.*, 40: 815–823.
19. Burton, J. W., Miranda, L. (2013.): Soybean Improvement: Achievements and Challenges. *Ratar.Povrt.*, 50(2): 44-51.
20. Buttery, B. R., Buzzell, R. I. (1968.): Peroxidase activity in the seeds of soybean varieties. *Crop Sci.*, 8: 722-725.
21. Buzzell, R. I., Buttery, B. R. (1969.): Inheritance of peroxidase activity in soybean seed coats. *Crop Sci.*, 9: 387-388.
22. Carter, T. E. J., Nelson, R. L., Sneller, C. H., Cui, Z. (2004.): Genetic diversity in soybean. U: *Soybeans: Improvement, Production and Uses*. Third edition, Ed. by H. R. Boerma and J. E. Specht. Madison USA. 1-1144.
23. Carter, T. E. J., Bowman, D. T., Taliercio, E., Kwanyuen, P., Rzewnicki, P. E., Burton, J. W., Villagarcia, M. R. (2010.): Registration of N6202 soybean germplasm with high protein, favorable yield potential, large seed, and diverse pedigree. *Journal of Plant Registrations*, 4: 73-79.
24. Chandel, K. K., Patel, N. B., Patel, J. B. (2013a.): Genetic variability analysis in soybean (*Glycine max*l. merrill). *AGRES – An International e-Journal*, 2(3): 318-325.

25. Chandel, K. K., Patel, N. B., Kulkarni, G. U. (2013b.): Genetic divergens studies in soyben (*Glycine max* L. MERR.). *Progressive Research* 8 (Special) : 645-649.
26. Chauhan, D. K., Bhat, J. A., Thakur, A. K., Kumari, S., Hussain, Z., Satyawathi, C. T. (2015.): Molecular characterization and genetic diversity assessment in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] varieties using SSR markers. *Indian Journal of Biotechnology*, 14: 504–510.
27. Chavez, H., Borromeo, T., Borines, N. O., Gentallan, R. J. (2016.): Phenotypic diversity of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) accessions in the Philippines for utilization. *Legume Research*, Print ISSN:0250-5371 / Online ISSN:0976-0571.
28. Chen, Y. W., Nelson, R. L. (2004.): Genetic variation and relationships among cultivated, wild, and semiwild soybean. *Crop Sci.*, 44: 316-325.
29. Chen, P. (2004.): Developing high quality identity-preserved soybean for the specialty soyfood market, in production and marketing of identity-preserved soybean. *American Soybean Association: MO, USA.*, p. 23-31.
30. Chen, P. (2014): Drought Tolerance Traits for Improving Soybean Yield Under Stress. *Soybean Breeders Workshop. St. Louis, MO*, 17-19.
31. Chen, P., Ishibashi, T., Sneller, C., Rupe, J., Dombek, D., Robbins, R. (2011.): Registration of R99-1613F, R01-2731F, and R01-3474F Soybean germplasm lines with diverse pedigrees. *Journal of Plant Registrations*, 5: 220-226.
32. Chung, J., Babka, H. L., Graef, G. L., Staswick, P. E., Lee, D. J., Cregan, P. B., Shoemaker, R. C., Specht, J. E. (2003.): The seed protein, oil, and yield QTL on soybean linkage group I. *Crop Sci.*, 43:1053-1067.
33. Cooper, R. L. (2003.): A delayed flowering barrier to higher soybean yields. *Field Crops Res.*, 82: (27–35).
34. Cui, Z., Carter, T. E. Jr., ,Burton, J. W., Wells, R. (2001.): Phenotypic Diversity of Modern Chinese and North American Soybean Cultivars. *Crop Sci.*, 41:1954–1967.
35. Cvjetković, B. (2015.): Žuta hrđa ponovno napada. *Gospodarski list*, Izdanje 2015 (18), 21 – 23.
36. Čupić, T. (2006.): Proučavanje genetske divergentnosti graška (*Pisum sativum* L.) na osnovi podrijetla, morfoloških i molekularnih markera. *Disertacija, Agronomski fakultet Sveučilišta u Zagrebu.*



- 
37. Dawson, T. P., Jackson, S. T., House, J. I., Prentice, I. C., Mace, G. M. (2011.): Beyond predictions: Biodiversity conservation in a changing climate. *Science*, 332(6025): 53-8.
  38. Dayaman, V. (2007.): Diversity analysis in soybean (*Glycine max* (L.)) using morphological and simple sequence repeat (SSR) markers. Master of Science Thesis.
  39. Delacy, I. H., Skovmand, B., Huerta, J. (2000.): Characterization of mexican wheat landraces using agronomically useful attributes. *Genet Resour Crop Evol.*, 47: 591-602.
  40. Dinkins, R. D., Keim, K. R., Farno, L., Edwards, L. H. (2002.): Expression of the narrow leaflet gene for yield and agronomic traits in soybean. *J. Heredity*, 93: 346-351.
  41. Dong, Y. S. (2008.): Advances of research on wild soybean in China. *J. Jilin Agric. Univers.*, 30: 394–400.
  42. Dong, Y. S., Zhao, L. M., Liu, B., Wang, Z. W., Jin, Z. Q., Sun, H. (2004.): The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 931-936.
  43. Dong, Y. S., Zhuang, B. C., Zhao, L. M., Sun, H., He, M. Y. (2001.): The genetic diversity of annual wild soybeans grown in China. *Theoretical and Applied Genetics*, 103(1): 98–103
  44. Dubey, N., Avinash, H. A., Shrivastava, A. N. (2018.): Evaluation of genetic diversity among soybean [*Glycine max* (L.)] genotypes using multivariate analysis. *Plant Archives*, 18(1): 908-912.
  45. Eđed, A., Z. Lončarić, D. Horvat, K. Skala (2010.): Visualisation of winter wheat quantitative traits with parallel coordinate plot. *Poljoprivreda*, 16 (2): 14-19.
  46. Eskandari, M., Cober, E. R., Rajcan, I. (2013.): Genetic control of soybean seed oil: I. QTL and genes associated with seed oil concentration in RIL populations derived from crossing moderately high-oil parents. *Theoretical and Applied Genetics*, 126: 483-495.
  47. Fang, C., Ma, Y., Wu, S., Liu, Z., Wang, Z., Yang, R., Hu, G., Zhou, Z., Yu, H., Zhang, M., Pan, Y., Zhou, G., Ren, H., Du, W., Yan, H., Wang, Y., Han, D., Shen, Y., Liu, S., Liu, T., Zhang, J., Qin, H., Yuan, J., Yuan, X., Kong, F., Liu, B., Li, J., Zhang, Z., Wang, G., Zhu, B., Tian, Z. (2017.): Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. *Genome biology*, 18(1): 161.
-

48. FAO (1983.). Commission on plant genetic resources. Resolution 8/83 of the 22nd Session of the FAO Conference, Rome.
49. FAO (2010.). The Second Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
50. Frankel, O. H. (1977.): Natural variation and its conservation. In: Muhammed A, Aksel R & von Borstel RC (eds) Genetic Diversity in Plants (pp 21–44) Plenum Press, New York.
51. Fukuda, Y. (1933.): Cytogenetical studies on the wild and cultivated Manchurian soybeans (*Glycine L.*). Japanese Journal of Botany, 6: 489–506
52. Gai, J. Y., Xiong, D. J., Zhao, T. J. (2015.): The pedigrees and germplasm bases of soybean cultivars released in China (1923-2005). Beijing: China Agricultural Press.
53. Gawande, P., Patil S., Joshi S., (2001): Selection of superior germplasm lines for soybean based on morphological characters for hybridisation. Journal of Phytological Research 14(2): 125-130
54. Gazzoni, D. L., (1994.): Botany. P. 61-65. In: Tropical Soybean: Improvement and production, FAO, Roma.
55. Gepts, P., Papa, R. (2003.): Possible effects of (trans)gene flow from crops on the genetic diversity from landraces and wild relatives; Environ. Biosafety Res., 2:89–103.
56. Ghodrati, G. (2013.): Study of genetic variation and broad sense heritability for some qualitative and quantitative traits in soybean (*Glycine max L.*) genotypes. Current Opinion in Agriculture, 2(1): 31–35.
57. Gijzen, M., Huystee, R., Buzzell, R. I. (1993.): Soybean seed coat peroxidase; A comparison of high-activity and low-activity genotypes. Plant Physiol., 103: 1061-1066.
58. Gilmour, P., Broughton, S., Boyd, W. J. R. (1995.): Barley breeding. 97-109, u Howes, M. (ur.) the barley book. Bull. 4300. Department of Agriculture, Perth, Australia.
59. Gizlice, Z., Carter, J., Burton, J. (1994.): Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. Crop Science, 34: 1143-1151.
60. Gizlice, Z., Carter Jr, T. E., Gerig, T. M., Burton, J. W. (1996.): Genetic diversity patterns in North American public soybean cultivars based on coefficient of parentage. Crop Science, 33: 753-765.

61. Govindarao, C. N. (2010.): Characterization of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill.] varieties through morphological, chemical, molecular markers and image analyzer. Thesis submitted to the University of Agricultural Sciences Dharwad. Department of Seed Science and Technology College of Agriculture, 580 005.
62. Grainger, C. M., Letarte, J., Rajcan, I. (2018.): Using soybean pedigrees to identify genomic selection signatures associated with long-term breeding for cultivar improvement. *Canadian Journal of Plant Science*, 98(5): 1176-1187.
63. Griffin, J. D., Broich, S. L., Delannay, X., Palmer, R. G. (1989.): The loci *Frl* and *Ep* define soybean linkage group 12. *Crop Science*, 29: 80-82.
64. Griffin, J. D. i Palmer, R. G. (1995.): Variability of thirteen isozyme loci in the USDA soybean germplasm collections. *Crop Science*, 35:897-904.
65. Guo, J., Wang, Y., Song, C., Zhou, J., Qiu, L., Huang, H., Wang, Y. (2010.): A single origin and moderate bottleneck during domestication of soybean (*Glycine max*): implications from microsatellites and nucleotide sequences. *Annals of Botany*, 106: 505–514.
66. Guo, Y., Li, Y. H., Hong, H. L., Qiu, L. J. (2014.): Establishment of the integrated applied core collection and its comparison with mini core collection in soybean (*Glycine max*). *The Crop Journal*, 2: 38-45.
67. Gupta, A., Mahajan, V., Khati, P., Srivastva, A. K. (2010.): Distinctness in Indian soybean (*Glycine max*) varieties using DUS characters. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 80 (12): 1081–4.
68. Gupta, S. K., Manjaya, J. G. (2017.): Genetic diversity and population structure of Indian soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] revealed by simple sequence repeat markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20(3): 221–231.
69. Hammer, K., Teklu, Y., (2008.): Plant genetic resources: selected issues from genetic erosion to genetic engineering. *Journal of Agriculture and Rural Development in the Tropics and Subtropics*, 109(1): 15–50.
70. Harlan, J. R., de Wet, J. M. J. (1971.): Toward a rational classification of cultivated plants. *Taxon*, 20: 509-517.
71. He, S., Wang, Y., Volis, S., Li, D., Yi, T., (2012.): Genetic Diversity and Population Structure: Implications for Conservation of Wild Soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc) Based on Nuclear and Chloroplast Microsatellite Variation. *I.J.M.Sci.*, 13(10): 12608–12628.

- 
72. He, Q., Yang, H., Xiang, S., Tian, D., Wang, W., Zhao, T., Gai, J. (2015.): Fine mapping of the genetic locus L1 conferring black pods using a chromosome segment substitution line population of soybean. *Plant Breeding*, 134: 437–445.
  73. Heatherly, L. G., Smith, J. R. (2004.): Effect of soybean stem growth habit on height and node number after beginning bloom in the midsouthern USA. *Crop Sci.*, 44:1855–1858.
  74. Hu, Z., Zhang, H., Kan, G., Ma, D., Zhang, D., Shi, G., Hong, D., Zhang, G., Yu D. (2013.): Determination of the genetic architecture of seed size and shape via linkage and association analysis in soybean (*Glycine max* L. Merr.). *Genetica*, 141: 247-254.
  75. Huh, M. H., Park, D. Y. (2008.): Enhancing parallel coordinate plots. *Journal of the Korean Statistical Society*, 37 (2): 129-133.
  76. Hymowitz, T. (1970.): On the domestication of the soybeans. *Economic Botany* 23, 408–421.
  77. Hymowitz, T. (1990.): Soybeans: the success story. U: J. Janick, J.E.Simon (ed): *Advances in New Crops: Proceedings of the First National Symposium on New Crops: Research, Development, Economics, Indianapolis, Ind., 23–26 October 1988*. Timber Press, Portland, Oreg. 159–163.
  78. Hyten, D. L., Song, Q-J., Zhu, Y-L., Choi, I-Y., Nelson, R. L., Costa, J. M., Specht, J. E., Shoemaker, R. C., Cregan, P. B. (2006): Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* ,103:16666–16671.
  79. Hyten, D. L., Hartman, G. L., Nelson, R. L., Frederick, R. D., Concibido, V. C., Narvel, J. M., Cregan, P. B. (2007.): Map location of the *Rpp1* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. *Crop Sci.*, 47:837-840.
  80. Hyten, D. L., Choi, I. Y., Song, Q. J., Specht, J. E., Carter, T. E. J., Shoemaker, R.C., Cregan, P. B. (2010.): A high density integrated genetic linkage map of soybean and the development of a 1536 universal soy linkage panel for quantitative trait locus mapping. *Crop Sci.*, 50: 960-968
  81. International Board for Plant Genetoc Resources (1984.). *Descriptors for Soybean*, IBPGR SECRETERIAT, Rome, 1984.
  82. International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications – ISAAA (2018.). *Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2018*. ISAAA *Brief* No. 54. ISAAA: Ithaca, NY.
-

- 
83. Iqbal, Z., Arshad, M., Ashraf, M., Naeem, R., Malik, M. F., Waheed, A. (2010.): Genetic divergence and correlation studies of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill.] genotypes. Pak. J. Bot., 42(2): 971-976.
  84. Jain, R. K., Joshi, A., Jain, D. (2017.): Morphological Characterization and Assessment of Genetic Diversity in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Genotypes. Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci., 6(7): 2371-2381.
  85. Jeong, N., Suh, S. J., Kim, M. H., Lee, S., Moon, J. K., Kim, H. S., Jeong, S. C. (2012.): L<sub>n</sub> is a key regulator of leaflet shape and number of seeds per pod in soybean. The Plant Cell, 24 (12): 4807-4818.
  86. Kaga, A., Shimizu, T., Watanabe, S., Tsubokura, Y., Katayose, Y., Harada, K., Vaughan D. A., Tomooka, N., (2012.): Evaluation of soybean germplasm conserved in NIAS genebank and development of mini core collections. Breeding Science, 61: 566–592.
  87. Kaur, G., Joshi, A., Jain, D., Choudhary, R., Vyas, D. (2016.): Diversity analysis of green gram (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) through morphological and molecular markers. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 40: 229-240.
  88. Khan, A. Z., Farhatullah, D., Iqbal, M., Begum, S., Ara, N. (2018.): Genotypic comparison of determinate and indeterminate soybean lines for yield and yield components. Pak. J. Bot., 50(1): 131-134.
  89. Kim, M. Y., Lee, S., Van, K., Kim, T. H., Jeong, S. C., Choi, I. Y., Kim, D. S., Lee, Y. S., Park, D., Ma, J., Kim, W. Y., Kim, B. C., Park, S., Lee, K. A., Kim, D. H., Kim, K. H., Shin, J. H., Jang, Y. E., Kim, K. D., Liu, W. X., Chaisan, T., Kang, Y. J., Lee, Y. H., Kim, K.H., Moon, J. K., Schmutz, J., Jackson, S. A., Bhak, J., Lee, S. H. (2010.): Whole-genome sequencing and intensive analysis of the undomesticated soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) genome. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 107: 22032–22037.
  90. Kim, K. S., Bellendir, S., Hudson, K. A., Hill, C. B., Hartman, G. L., Hyten, D.L., Diers, B. W. (2010.): Fine mapping the soybean aphid resistance gene Rag1 in soybean. Theoretical and Applied Genetics, 120: 1063-1071.
  91. Kobraee, S., Shamsi, K. (2011.): Evaluation of soybean yield under drought stress by path analysis. Australian Journal of Basic and Applied Sciences, 5 (10): 890-895.
  92. Koester, R., Skoneczka, J., Cary, T., Diers, B., Ainsworth, E. (2014.): Historical gains in soybean (*Glycine max* Merr.) seed yield are driven by linear increases in light
-

- interception, energy conversion, and partitioning efficiencies. *J. Exp. Bot.* 2014: eru187v1-eru187.
93. Kovačević, V., Kovačević, D., Pepo, P., Marković, M. (2013.): Climate change in Croatia, Serbia, Hungary and Bosnia and Herzegovina: Comparison the 2010 and 2012 maize growing seasons. *Poljoprivreda*, 19 (2): 16-22.
  94. Krisnawati, A., Adie, M. M. (2017.): The leaflet shape variation from several soybean genotypes in Indonesia. *Biodiversitas*, 18: 359-364.
  95. Kumar, C. R. (2008.): Diversity analysis and association mapping studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] using morphological and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. Master thesis. TNAU, Coimbatore.
  96. Kumar, A., Pandey, A., Aochen, C., Pattanayak, A. (2015.): Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in soybean (*Glycine max*) genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, 85(2): 397-405.
  97. Lam, H. M., Xu, X., Liu, X., Chen, W. B., Yang, G. H., Wong, F. L., Li, M. W., He, W. M., Qin, N., Wang, B., Li, J., Jian, M., Wang, J. A., Shao, G., Wang, J., Sun, S.S. Zhang, G. (2010.): Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection. *Nature Genetics*, 42: 1053–1059.
  98. Lee, J-D., Vuong, T. D., Moon, H., Yu, J-K., Nelson, R. L. Nguyen, H. T., Shannon, J. G. (2011.): Genetic Diversity and Population Structure of Korean and Chinese Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] Accessions. *Crop Science Society of America*, 51:1080–1088.
  99. Li, J., Wang, X., Song, W., Huang, X., Zhou, J., Zeng, H., Sun, S., Jia, H., Li, W., Zhou, X., Li, S., Chen, P., Wu, C., Guo, Y., Han, T., Qiu, L. (2017.): Genetic variation of maturity groups and four *E* genes in the Chinese soybean mini core collection. *PLoS one*, 12(2): e0172106.
  100. Li, Y. H., Guan, R. X., Liu, Z., Ma, Y., Wang, L., Li, L., Lin, F., Luan, W., Chen, P., Yan, Z., Qiu, L. J. (2008.): Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. *Theor. Appl. Genet.*, 117: 857–871.
  101. Li, Y. H., Li, W., Zhang, C., Yang, L., Chang, R. Z., Gaut, B. S., Qiu, L. J. (2010.): Genetic diversity in domesticated soybean (*Glycine max*) and its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci. *New Phytol.*, 188 (1): 242-253.

- 
102. Li, Y. H., Zhao, S. C., Ma, J. X., Li, D., Yan, L., Li, J., ... Qiu, L. J. (2013.): Molecular footprints of domestication and improvement in soybean revealed by whole genome re-sequencing. *BMC Genomics*, 14(1), [579].
  103. Liu, M., Zhang, M., Jiang, W., Sun, G., Zhao, H., Hu, S. (2011.): Genetic diversity of Shaanxi soybean landraces based on agronomic traits and SSR markers. *African Journal of Biotechnology*, 10(24): 4823-4837.
  104. Liu, X., Dong, Y. (1999.): Plant Genetic Resources Conservation and Use in China. Proceedings of National Workshop on Conservation and Utilization of Plant Genetic Resources, 25-27 October 1999., Beijing, China.
  105. Liu, Z., Li, H., Wen, Z., Fan, X., Li, Y., Guan, R., Guo, Y., Wang, S., Wang, D., Qiu, L. (2017.): Comparison of Genetic Diversity between Chinese and American Soybean (*Glycine max* (L.)) Accessions Revealed by High-Density SNPs. *Front. Plant Sci.*, 8: 2014.
  106. Lu, B. R. (2004.): Conserving biodiversity of soybean gene pool in the biotechnology era. *Plant. Species Biol.*, 19:115–125.
  107. Lü, S. L., (1978.): Discussion on the original region of cultivated soybean in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 4: 90–94.
  108. Machikowa, T., Laosuwan, P. (2011.): Path coefficient analysis for yield of early maturing soybean. *Songklanakarin Journal of Science Technology*, 33 (4): 365-368.
  109. Malcolm, M., Harvey, V., Elroy, C. (2002.): Agronomic changes from 58 years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. *Agronomy Journal*, 92: 780-784.
  110. Malik, M. F. A., Qureshi, A. S., Ashraf, M., Ghafoor, A. (2006.): Genetic variability of the main yield related characters in soybean. *Inter. J. Agri. & Biol.*, 8: 815-619.
  111. Malik, M. F. A., Ashraf, M., Qureshi, A. S., Gjafoor, A. (2007.): Assessment of genetic variability, correlation and path analyses for yield and its components in soybean. *Pak. J. Bot.*, 39: 405-413.
  112. Malik, M. F. A., Qureshi, A. S., Ashraf, M., Khan, M. R., Javed, A. (2009.): Evaluation of genetic diversity in soybean (*Glycine max*) lines using seed protein electrophoresis. *Australian Journal of Crop Science*. 3(2): 107-112.
  113. Malik, M. F. A. (2011.): Evaluation of genetic diversity in soybean (*glycine max* (L.)) genotypes based on agronomic and biochemical traits. Doctoral thesis, Faculty of Biological Sciences, Quaid-i-Azam University, Islamabad.
-

114. Malik, M. F. A., Ashraf, M., Qureshi, A., Khan, M. R. (2011.): Investigation and comparison of some morphological traits of the soybean populations using cluster analysis. *Pakistan Journal of Botany*, 43(2): 1249-1255.
115. Malik, R., Sharma, H., Sharma, I., Kundu, S., Verma, A., Sheoran, S., Kumar, R., Chatrath R. (2014.): Genetic diversity of agro-morphological characters in Indian wheat varieties using GT biplot. *Australian Journal of Crop Science*, 8 (9): 1266-1271.
116. Martinčić, J., Kozumplik, V. (1996.): Oplemenjivanje bilja, Poljoprivredni fakultet Osijek, Agronomski fakultet Zagreb, Zagreb.
117. Martinović, J. (2000.): Tla u Hrvatskoj, Printel d.o.o., Zagreb
118. Matoša Kočar, M., (2016.): Genetska varijabilnost svojstava kvalitete germplazme soje (*Glycine max* L. Merr.). Doktorska disertacija. Poljoprivredni fakultet u Osijeku. Osijek.
119. Matoša Kočar, M., Sudarić, A., Vila, S., Petrović, S., Rebekić, A., Josipović, A., Markulj Kulundžić, A. (2017.): Variability in phenotypic expression of seed quality traits in soybean germplasm. *Poljoprivreda/Agriculture/*, 23(1): 40-48.
120. Meier, U. (1997.): Growth Stages of Mono- and Dicotyledonous Plants, BBCH Monograph. Blackwell Wissenschafts-Verlag Berlin-Wien.
121. Mijić Z., Kozumplik, V., Šarčević, H., Meglič, V., Varnica, I., Čupić, T. (2019.): Stability analysis of tuber yield using unbalanced data from potato variety trials. *Genetika*, 51(3): 1151-1164.
122. Mikel, M. A., Smith, H. H., Nelson, R. L., Diers, B. W. (2010.): Genetic Diversity and Agronomic Improvement of North American Soybean Germplasm. *Crop Sci.*, 50: 1219-1229.
123. Mikić, A., Perić, V., Đorđević, V., Srebrić, M., Mihailović, V. (2009.): Anti-nutritional factors in some grain legumes. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 25(5-6): 1181-1188.
124. Miladinović, J., Hrustić, M., Vidić, M. (2008.): Soja. Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad i Sojaprotein, Bečej. 513 str. ISBN 978-86-80417-18-9.
125. Miladinović, J., Vidić, M., Đorđević, V., Balešević-Tubić, S. (2015.): New trends in plant breeding – example of soybean. *Genetika*, 47(1): 131-142.
126. Miladinović, J., Čeran, M., Đorđević, V., Balešević-Tubić, S., Petrović, K., Đukić, V., Miladinović, D. (2018.): Allelic variation and distribution of the major maturity genes in different soybean collections. *Frontiers in plant science*, 9: 1286.



127. Moe, S., Girdthai, T. (2013.): Relationships of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] accessions based on physiological and agro-morphological traits. International Journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences (IJCEBS), Volume 1, Issue 2.
128. Morse, W. J., Cartter, J. L., Williams, L. F. (1949.): U.S. Department of Agriculture. Farmers Bull., 1520: 1-38.
129. Mujoo, R., Trinh, D. T., Ng, P. K. W. (2002.): Characterization of storage proteins in different soybean varieties and their relationship to tofu yield and texture. Food Chemistry, 82: 265–273.
130. Murai, Y., Yan, F., Iwashina, T., Takahashi, R. (2016.): Analysis of anthocyanin pigments in soybean hypocotyl. Can. J. Plant Sci., Vol. 96.
131. Naik, S. M., Madhusudan, K., Motagi, B. N., Nadaf, H. L., Thimmaraju (2016.): Diversity in soybean (*Glycine max*) accessions based on morphological characterization and seed longevity characteristics. Progressive Research – An International Journal, 11(3): 377-381.
132. Natarajan, S. S., Xu, C., Bae, H., Caperna, T. J., Garrett, W. M. (2006.): Characterization of Storage Proteins in Wild (*Glycine soja*) and Cultivated (*Glycine max*) Soybean Seeds Using Proteomic Analysis. Journal of Agricultural and Food Chemistri, 54: 3114-3120.
133. Nelson, R. L. (2009.): Collection, conservation, and evaluation of soybean germplasm. Proceedings of the World Soybean Research Conference VIII, Beijing, China.
134. Nelson, R.L., Johnson, E. O. C. (2011.): Registration of soybean germplasm line LG00-6313. Journal of Plant Registrations, 5: 406-409.
135. Nelson, R.L., Johnson, E.O.C. (2012.): Registration of the high-yielding soybean germplasm line LG04-6000. Journal of Plant Registrations, 6: 212-215.
136. Ngou, T. T., Van, K., Kim, M. Y., Lee, S. H. (2006.): Genetic variation in flowering time and maturity and its relationship among agronomic characters in soybean. Korean Crop Science, 51: 163-168.
137. Niu, Y. L., Guo, W. Y., Bai, L. R., Zhao, J. C. (2018.): Genetic diversity and the conservation priority of *Glycine soja* populations from Northern China. Genetics and Molecular Research, 14 (4): 16608-16615.
138. Ohashi, Y., Nakayama, N., Saneoka, H., Mohapatra, P. K., Fujita, K. (2009.): Differences in the responses of stem diameter and pod thickness to drought stress during the grain illing stage in soybean plants. Acta Physiologiae Plantarum, 31: 271-277.

- 
139. Pagel, J., Walling, J. G., Young, N. D., Shoemaker, R. C., Jackson, S. A. (2004.): Segmental duplications within the Glycine max genome revealed by fluorescence in situ hybridization of bacterial artificial chromosomes. *Genome*, 47: 764-768.
  140. Palmer, R. G., Pfeiffer, T. W., Buss, G. R., Kilen, T. C. (2004.): Qualitative genetics. Pages 137–233 in H.R. Boerma and J.E. Specht, eds. Soybeans: improvement, production, and uses. 3rd ed. Agron Monogr. 16. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
  141. Penzar, I., Penzar, B. (2000.): Agrometeorologija. Školska knjiga, Zagreb.
  142. Perić, V., Nikolić, A., Babić, V., Sudarić, A., Srebrić, M., Dordević, V., Mladenović-Drinić, S. (2014.): Genetic relatedness of soybean genotypes based on agromorphological traits and rapd markers. *Genetika*, 46: 839- 854.
  143. Perry, M. C., McIntosh, M. S. (1991.): Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: I. Morphological Traits. *Crop Sci.*, 31: 1350-1355.
  144. Popovic, V., Vidic, M., Tatić, M., Jakšić, S., Kostić, M. (2012.): Uticaj sorte i godine na prinos i komponente kvalitete soje. *Ratar. Povrt.*, 49: 132-139.
  145. Qiu, L. J. i Chang R.. Z. (2010.): Origin and History of Soybean. *The soybean: botany, production and uses*, Urednik G. Singh, 2010, CABI. p. 1-23.
  146. Qiu, L. J., Xing, L. L., Guo, Y., Wang, J., Jackson, S. A., Chang, R. Z. (2013.): A platform for soybean molecular breeding: the utilization of core collections for food security. *Plant Mol. Biol.*, 83: 41–50.
  147. Qiu, L., Chen, P., Liu, Z., Li, Y., Guan, R., Wang, L., Chang, R. (2011.): The worldwide utilization of the Chinese soybean germplasm collection. *Plant Genetic Resources*, 9(1): 109-122.
  148. Rajanna, M. P., Viswanatha, S. R., Kulkarni, R. S., Ramesh, S. (2000.): Correlation and path analysis in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Crop Res. Hisar.*, 20: 244-2447.
  149. Ramteke, R., Murlidharan P., (2012.): Characterization of soybean (*Glycine max*) varieties as per DUS guidelines. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 82(7): 572–7.
  150. Rani, A., Kumar, V., Husain, S. M. (2004.): Seed coat peroxidase differences in Indian soybean cultivars as detected through electrophoresis. *National Journal of Plant Improvement*, 6(1): 1-3.
  151. Raut, V. M. (2003.): Qualitative genetics of soybean- a review. *Soybean Research* 1: 1–28.
-

- 
152. Ravikumar, M., Narayanasamy, S. (1999.): Identification of soybean varieties based on seed and morphological characters. *Current Research*, 28(3/4): 50-52.
  153. Ray, D. K., Gerber, J. S., MacDonald, G. K., West, P. C. (2015.): Climate variation explains a third of global crop yield variability. *Nature Communications*, 6: 5989.
  154. Ristova, D., Šarcevic, H., Šimon, S., Mihajlov, L. & Pejic, I. (2010): Genetic diversity in southeast European soybean germplasm revealed by SSR markers. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 21-26.
  155. Roland-Ruiz, I., Van Eeuwijk F. A., Gilliland, T. J., Dubreuil, P., Dillmann, C., Lallemand, J., De Loose, M., Baril, C. P. (2001.): A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.*, 103: 1138–50.
  156. Rolf, F. J. (2005.): NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.10s, Applied Biostatistic, New multivariate analysis system, version 2.10s, Applied Biostatistic, New York.
  157. Safner T., (2005.): Uпотреba dominantnih biljega u analizi bioraznolikosti. Magistarski rad. Agronomski fakultet, Zagreb.
  158. Sahota, A. S., Desormeaux, R. W. (1990.): Soybean seed coat peroxidase activity tests for cultivar purity determinations. *Newsletter of the Association of Official Seed Analysts*, 64: 14-27.
  159. Salimi, S., Abdola, A. R., (2013.): Evaluation of genetic diversity in soybean genotypes (*Glycine max*) based on SDS-PAGE. *International Journal of Agronomy and Plant Production*, 4 (2): 287-291.
  160. Sammour R. H., (2011.): Genetic diversity and allele mining in soybean germplasm. In book: *Soybean - Genetics and Novel Techniques for Yield Enhancement*. Edited by Dora Krezhova. Open access peer-reviewed edited volume.
  161. Sathe, S. K., Lilley, G. G., Mason, A. C., Weaver, C. M. (1987.): High-Resolution Sodium Dodecyl Sulfate Polyakrylamide Gel Electrophoresis of Soybean (*Glycine max* L.) Seed Proteins. *Cereal Chem.*, 64(6): 380-384.
  162. Sayama, T., Hwang, T-Y., Komatsu, K., Takada, Y., Takahashi, M., Kato, S., Sasama, H., Higashi, A., Nakamoto, Y., Funatsuki, H., Ishimoto, M. (2011.): Development and application of a whole-genome simple sequence repeat panel for high-throughput genotyping in soybean. *DNA Research*, 18: 107–115.

- 
163. Schmutz, J., Cannon, S. B., Schlueter, J., Ma, J., Mitros, T., Nelson, W., Hyten, D. L., Song, Q., Thelen, J. J., Cheng, J., Xu, D., Hellsten, U., May, G. D., Yu, Y., Sakurai, T., Umezawa, T., Bhattacharyya, M. K., Sandhu, D., Valliyodan, B., Lindquist, E., Peto, M., Grant, D., Shu, S., Goodstein, D., Barry, K., Futrell-Griggs, M., Abernathy, B., Du, J., Tian, Z., Zhu, L., Gill, N., Joshi, T., Libault, M., Sethuraman, A., Zhang, X. C., Shinozaki, K., Nguyen, H. T., Wing, R. A., Cregan, P., Specht, J., Grimwood, J., Rokhsar, D., Stacey, G., Shoemaker, R. C., Jackson, S. A. (2010.): Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. *Nature*, 463: 178–183.
  164. Scott, W. O., Aldrich, S. R. (1983.): *Modern soybean production*. Champaign: S & A Publications Inc.
  165. Sedivy, E. J., Wu, F., Hanzawa, Y. (2017.): Soybean domestication: The origin, genetic architecture and molecular bases. *New Phytologist*, 214: 539–553.
  166. Shadakshari, T. V., Kalaimagal, T., Senthil, N., Boranayaka, M. B., Kambe Gowda, R., Rajesha, G. (2011.): Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. *Asian Journal of Bio Science*, 6(1): 7-11.
  167. Simmonds, M. S. J. (2003.): Flavonoid-insect interactions: recent advances in our knowledge *Phytochemistry*, 64: 21-30.
  168. Smykal, P., Horaček, J., Dostalova, R., Hybl, M. (2008.): Variety discrimination in pea (*Pisum sativum* L.) by molecular, biochemical and morphological markers. *Journal of Applied Genetics* 49(2): 155-166.
  169. Smýkal, P., Coyne, C. J., Ambrose, M. J., Maxted, N., Schaefer, H., Blair, M. W., Berger, J., Greene, S. L., Nelson, M. N., Besharat, N., Vymyslický, T., Toker, C., Saxena, R. K., Roorkiwal, M., Pandey, M. K., Hu, J., Li, Y. H., Wang, L. X., Guo, Y., Qiu, L. J., Redden, R. J., Varshney, R. K. (2015.): *Legume Crops Phylogeny and Genetic Diversity for Science and Breeding*. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34:1-3, 43-104.
  170. Sneller, C. H., Nelson, R. L., Carter Jr., T. E., Cui, Z. (2005.): Genetic diversity in crop improvement: The soybean experience. pp. 103–144. In: Kang, M. S. (ed.), *Genetic and Production Innovations in Field Crop Technology: New Developments in Theory and Practice*. Food Products Press, New York.
  171. Srebrić, M. (2013.): *Soybean breeding by full sib crossing in order to yield increasing*. Doctoral Dissertation. University of Belgrade, Faculty of Agriculture. Belgrade, 2013.
-

- 
172. Sofalian, O. (2013.): Investigation of the relationship between physiological traits and protein markers in soybean cultivars (*Glysin max* L.). *Acta Agriculturae Serbica*, 35: 87-97.
173. Specht, J. E., Hume, D. J., Kumundin, S.V. (1999.): Soybean yield potential: A genetic and physiological perspective. *Crop Sci.*, 39: 1560-1570.
174. Sudarić, A., Vratarić, M., Duvnjak, T. (2002.): Quantitative genetic analysis of yield components and grain yield for soybean cultivars. *Poljoprivreda*, 8(2):11-15.
175. Sudarić, A., Vratarić, M., Sudar, R., Duvnjak, T. (2004.): Genetic advance in yield components, grain yield and grain quality of soybean OS-lines. *Sjemenarstvo* 21(3-4): 115-125.
176. Sudarić, A., Vratarić, M., Rajcan, I., Duvnjak, T., Volenik, M. (2008.): Application of molecular markers in parental selection in soybean. *Acta Agronomica Hungarica*, 56(4): 393-398.
177. Šćepanović, M., Ostojić, Z., Barić, K.(2012.): Ograničenja mogućnosti suzbijanja korova u soji nakon nicanja. *Zbornik sažetaka 56. seminara biljne zaštite / Cvjetković Bogdan - Zagreb: Hrvatsko društvo biljne zaštite*, 27-28.
178. Takahashi, R., Dubouzet, J. G., Matsumura, H., Yasuda, K., Iwashina, T. (2010.): A new allele of flower color gene W1 encoding flavonoid 3'5'-hydroxylase is responsible for light purple flowers in wild soybean *Glycine soja*. *BMC Plant Biology*, 10:155.
179. Talla, R., Patta, S., Rani, K. J. (2016.): Characterization of soybean [*glycine max* (l.) merrill] genotypes based on pod and seed characters. *Progressive Research – An International Journal*, 11: 907-910.
180. Tanksley, S. D., McCouch, S. R. (1997.): Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild. *Science*, 277: 1063– 1066.
181. Tantasawat, P., Trongchuen, J., Prajongjai, T., Jenweerawat, S., Chaowiset, W. (2011.): SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *Australian Journal of Crop Science.*, 5(3): 283-290.
182. Tavaud-Pirra, M., Sartre, P., Nelson, R., Santoni, S., Texier, N., Roumet P. (2009.): Genetic Diversity in a Soybean Collection. *Crop Science Society of America*, 49: 895– 902.
183. Taylor, B. J., Loux, M. M., Harrison, S. K., Regnier, E. (2002.): Response of als resistant common ragweed (*Ambrosia artemisiifolia*) and giant ragweed (*Ambrosia trifida*) to ALS-inhibiting and alternative herbicides1. *Weed Technology*, 16: 815-825.
-

- 
184. Tucak, M., Popović, S., Čupić, T., Krizmanić, G., Španić, V., Meglič, V., Radović, J. (2016.): Assessment of red clover (*Trifolium pratense* L.) productivity in environmental stress. *Poljoprivreda*, 22 (2), 3-9.
  185. Tyagi R. K., Agrawal A., (2015.): Conservation of plant genetic resources – current trends and future thrusts. Teaching Manual “Management of Plant Genetic Resources” ICAR-National Bureau of Plant Genetic Resources, 1-9.
  186. UPOV (1998.): TG/80/6 Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability : Soya Bean (*Glycine max* (L) Merr.).
  187. Valliyodan, B., Dan, Q., Patil, G., Zeng, P., Huang, J., Dai, L., Chen, C., Li, Y., Joshi, T., Song, L. et al. (2016.): Landscape of genomic diversity and trait discovery in soybean. *Scientific Reports*, 6: 23598.
  188. Vandana, B., Shukla, P. S., Kamendra, S., Singh, V. K. (2017.): Morphological characterization and assessment of genetic variability in soybean varieties. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.*, 6(3): 361-369.
  189. Van Schoote, M., Reheul, D., Vollmann, J. (2012.). Breeding of Food Grade Soybeans. Master of Science in Bioscience Engineering: Cell and Gene Biotechnology.
  190. Varnica, I., Petrović, S., Rebekić, A., Guberac, S., Jukić, K. Jukić, G. (2018.): Characterization and interrelationships of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] yield components during dry and humid seasons. *Journal of Central European Agriculture*, 19 (2): 466-481.
  191. Vollmann, J., Fritz, C. N., Wagentristl, H., Ruckenbauer, P. (2000.): Environmental and genetic variation of soybean seed protein content under Central European growing conditions. *J. Sci. Food Agric.*, 80(9): 1300–1306.
  192. Vratarić, M., Sudarić, A. (2008.): Soja, Poljoprivredni institut Osijek, Osijek: 1-459.
  193. Wang, J. L. (1947.): Evaluation of soybean traits. *Agricultural Journal*, 5: 6–11.
  194. Wang, D., Grant, D. (2010.): Molecular mapping of quantitative trait loci. In K. Bilyeu, M.B. Ratnaparkhe, & C. Kole (Eds.), *Genetics, Genomics and Breeding of Soybean*. (pp. 91- 121). Enfield, New Hampshire: CRC Press.
  195. Wang, L., Guan, R., Zhangxiong, L., Chang, R., Qiu, L. (2006.): Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. *Crop Sci.*, 46: 1032-1038.
  196. Wilcox, J. (2001.): Sixty years of improvement in publicly developed elite soybean lines. *Crop Sci.*, 49: 1711-1716.
-

- 
197. Wilson R. F. (2008.): Soybean: Market driven research needs. In: Genetics and genomics of soybean. Springer Science and Business Media, LLC: 3-15.
  198. Winter, P., Kahl, G. (1995.): Molecular marker technologies for plant improvement. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 11(4): 438-448.
  199. Woodworth, C. M. (1923.): Inheritance of growth habit, pod color and flower color in soybeans. *Jur. Amer. Soc. Agron.*, 15: 481-495.
  200. Yoon, M. S., Ahn, J. W., Park, S. J., Baek, H. J., Park, K. N., Rho, Y. D. (2000.): Geographical patterns of morphological variation in soybean germplasm. *Korean J. Crop Sci.*, 45(4): 267-271.
  201. Zanon, A. J., Streck, N. A., Rocha, T. S. M., Alberto, C. M., Bartz, A. C., Paula, G. M., Regina, T., Costa, L. C., Fensterseifer, C. A. Tagliapietra, E. L., Cardoso, A. P., Weber, P. S., Bexaira, K. P. (2016.): Growth habit effect on development of modern soybean cultivars after beginning of bloom in Rio Grande do Sul. *Bragantia*, 75. 10.1590/1678-4499.535.
  202. Zhao, T-J., Aleem, M., Sharmin, R. A. (2018.): Adaptation to Water Stress in Soybean: Morphology to Genetics. *Plant, Abiotic Stress and Responses to Climate Change*.
  203. Zhou, X. A., Peng, Y., Wang, G. X., Chang, R. Z. (1998.): Preliminary studies on the centers of genetic diversity and origination of cultivated soybean in China. *Acta Agronomica Sinica*, 31: 37–43.
  204. Zhou, Z., Jiang, Y., Wang, Z., Gou, Z., Lyu, J., Li, W., Yu, Y., Shu, L., Zhao, Y., Ma, Y. (2015.): Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. *Nature Biotechnology*, 33(4): 408–414.
  205. <https://www.cpgrd.hcphs.hr>
  206. <https://www.ecpgr.cgiar.org>
  207. <https://eurisco.ipk-gatersleben.de>
  208. <https://meteo.hr>

## 7. SAŽETAK

U ovom je istraživanju ispitana genetska različitost germplazme soje na osnovu agronomskih, morfoloških i kemijskih svojstava te je temeljem istih utvrđena genetska udaljenost ispitivanih genotipova. Ciljevi ovog istraživanja bili su na 74 genotipa utvrditi: (1) vrijednosti morfoloških svojstava za utvrđivanje kriterija različitosti genotipova u postupku DUS ispitivanja za priznavanje i zaštitu novih sorti, (2) procijeniti genetsku varijabilnost germplazme soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava, (3) identificirati genotipove nositelje određenih agronomskih svojstava i izabrati superiorne za buduća križanja. Tijekom dvije vegetacijske sezone (2015. – 2016.) na pokusnom polju Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu, Centra za sjemenarstvo i rasadničarstvo postavljen je poljski pokus u dva ponavljanja prema slučajnom bloknom rasporedu. Tijekom svake godine ispitivanja analizirano je 19 morfoloških svojstava prema UPOV-om vodiču za ispitivanje soje TG/80/6 i 7 agronomskih: broj mahuna po biljci, broj zrna po biljci, broj zrna po mahuni, masa tisuću zrna, sadržaj bjelančevina u zrnu, sadržaj ulja u zrnu i masa zrna po biljci. Dobiveni podaci morfoloških svojstava obrađeni su  $\chi$ -kvadrat testom, Shannonovim indeksom raznolikosti i analizom glavnih sastavnica (PCA), a agronomskih izračunom standardnih mjera varijacije te analizom varijance. Veza između svih agronomskih svojstava ispitana je Pearsonovim koeficijentom korelacije. Grupiranje genotipova soje je provedeno pomoću klaster analize na temelju euklidske matrice udaljenosti te su genotipovi grupirani prema UPGMA metodi. Diskriminantnom analizom utvrđena su ona agromorfološka svojstva koja najviše determiniraju grupnu pripadnost pojedinog genotipa soje.

Analizom dobivenih podataka utvrđeno je da najveći doprinos utvrđivanju različitosti i najbolje diferenciranje genotipova imaju svojstva početak cvatnje, vrijeme dozrijevanja, boja dlačica stabljike, boja cvijeta odnosno obojenje hipokotila antocijanom te visina biljaka. Slabu razlikovnu vrijednost pokazuju svojstva naboranost lista, intenzitet zelene boje lista i habitus biljke. Za svojstvo vrijeme dozrijevanja utvrđena je najveća razlikovna vrijednost, radi čega je dodatno obrađeno diskriminantnom analizom. Broj dana od nicanja do zriobe imao je najveći parcijalni doprinos razlikovanju ocijenjenih vrijednosti i tijekom obje godine razvrstao je genotipove s visokom točnošću od 86,5 %. Provedenom analizom vidljivo je da u sušnim godinama proporcije rasporeda dozrijevanja za kasnije grupe bivaju narušene, dok u vremenski umjerenijim godinama razina diferenciranosti za ranije grupe zriobe biva slabije određena.



Prosječan indeks raznolikosti za proučavana morfološka svojstva, a koja koristimo u DUS postupcima i na promatranoj populaciji od 74 genotipa, iznosio je 0,77 i ukazuje na visok stupanj morfološke raznolikosti promatrane populacije. Za sva proučavana agronomska svojstva utvrđen je statistički značajan utjecaj genotipa, godine i interakcije. Najveću masu zrna po biljci tijekom dvogodišnjeg ispitivanja su imali genotipovi Cardiff, Sapporo, Bristol, Goldor, Dukat, Corbett, Color, Satyna, Imari, Sonja, Neoplanta, Lucija i Balkan, koji se ujedno nisu statistički međusobno razlikovali. Analizom genetske udaljenosti među navedenim genotipovima najveća je utvrđena između parova Neoplanta i Color te Bristol i Goldor, dok su prosječno najveće udaljenosti imali genotipovi Sapporo, Goldor, Dukat i Corbett. To dovodi do zaključka da bi ovim kombinacijama u selekciji kao i uključivanjem navedenih genotipova u oplemenjivačke programe povećali izgled stvaranja onih superiornih u prinosu u odnosu na postojeće. Za potencijalnu germplazmu u poboljšanju svojstva udjela bjelančevina iz promatrane populacije su se izdvojili genotipovi Paradis, Protina, Minnpro i Altapro, a kao visoko-uljni genotipovi Sapporo, OAC Wallace, Josefina, Lucija, Color i Zagrepčanka, među kojima nema statistički značajne razlike. Svojstvo broj zrna po biljci ima najviši koeficijent korelacije s prinosom, a kako je učinak genotipa bio prevladavajući u odnosu na godinu i interakciju, selekcija visokoprinosnih genotipova se na temelju ovog svojstva može obaviti izravno.

Analizom agromorfoloških svojstava za utvrđivanje genetske udaljenosti grupiranje genotipova nije pratilo obrazac geografskog porijekla, a najveća genetska udaljenost utvrđena je za parove Paradis i Sapporo, Paradis i PR92B63 zatim Dukat i Paradis te je korištenjem ovih kombinacija najizglednije povećanje ukupne genetske varijabilnosti populacije soje. Usporedbom srednjih vrijednosti genetskih distanci ispitivane populacije na temelju morfoloških i agronomskih svojstava može se zaključiti da je različitost na temelju agronomskih svojstava manja u odnosu na morfološka. Naglasak na utvrđenim razlikama, a uključujući i molekularne markere treba staviti na činjenicu da različite vrijednosti genetskih distanci ovise o veličini i sastavu ispitivane populacije, promatranim svojstvima i metodama kojima se određuje. Sljedivo je da će one grupe svojstava koje prevladavaju svojim brojem i brojem kategorija unutar imati i veću refleksiju genetske različitosti.

Ključne riječi: soja, DUS, morfološka svojstva, agronomska svojstva, genetska udaljenost

---

## 8. SUMMARY

### **Agromorphological diversity of soybean germplasm**

This research studied the genetic diversity of soybean germplasm due to the agronomical, morphological and chemical characteristics, and based on them for the examined set of genotypes the genetic distance was determined. Research has included 74 genotypes and the main objectives were to determine: (1) values of morphological traits for determining genotype distinctness criteria in the DUS testing procedure for registration and protection of new varieties, (2) to assess genetic variability of soybean germplasm based on morphological and agronomical characteristics, (3) identify genotypes with favourable agronomic traits and select superior ones for future breeding programs. Field trials were set up in randomized complete block design with two replications at the Croatian Agency for Agriculture and Food, Center for Seed and Seedlings during two growing seasons (2015-2016). During each year of the study, 19 morphological characteristics were analyzed according to the UPOV soybean test guideline TG/80/6 and 7 agronomical traits: pods number per plant, seed number per plant, seed number per pod, thousand seed weight, protein content, oil content and seed yield per plant. Statistical analyses of morphological characteristics included  $\chi$ -square test, Shannon indeks of diversity and principal components analysis (PCA). For agronomical traits were calculated basic measures of variation and analysis of variance. The relationship between agronomic traits was examined by the Pearson correlation coefficient. The grouping of soybean genotypes was performed using cluster analysis based on the Euclidean distance matrix and the genotypes were grouped according to the UPGMA method. Discriminant analysis was used to determine which agromorphological traits most determine the group affiliation of a particular soybean genotype. Analysed data showed that the greatest contribution to the determination of distinctness and the best differentiation of genotypes have the characteristics of beginning of flowering, time of maturity, color of hairs of stem, flower color or anthocyanin coloration of hypocotyl and plant height. Low distinctive value is shown by the characteristics of leaf blistering, intensity of leaf green color and plant growth habit. The highest distinctive value was determined for the characteristic time of maturity, which is why it was additionally tested by discriminant analysis. The number of days from germination to ripening had the largest partial contribution to distinguishing the estimated values of time of maturity and during both years it classified genotypes with a high accuracy of 86.5%. The discriminant analysis showed that in dry seasons the proportions of maturity for later groups were less determined, while in

moderate seasons the level of differentiation for earlier groups was less determined. The average diversity index for the morphological traits, which were used in DUS procedures on the observed population of 74 genotypes was 0.77, which indicates a high degree of morphological diversity. The analysis of variance showed that genotype, year, and genotype x year interaction had a significant effect on all studied traits. The genotypes Cardiff, Sapporo, Bristol, Goldor, Dukat, Corbett, Color, Satyna, Imari, Sonja, Neoplanta, Lucija and Balkan had the highest seed yield per plant during the two-year study, with statistically no significant differences between. By analyzing the genetic distance between these genotypes, the largest was found between pairs Neoplanta and Color and Bristol and Goldor, while the largest average distances had genotypes Sapporo, Goldor, Dukat and Corbett, which leads to the conclusion that these combinations in selection and inclusion of these genotypes in breeding programs, the chances of creating the superior genotypes in yield compared to the existing ones would be increased. The genotypes Paradis, Protina, Minnpro and Altapro were singled out for potential germplasm in improving the content of protein content, and Sapporo, OAC Wallace, Josefine, Lucija, Color and Zagrepčanka were differentiated as high-oil genotypes, among which there is no statistically significant difference. The number of seeds per plant has the highest correlation coefficient with yield, and as the effect of genotype was predominant in relation to year and interaction, the selection of high-yielding genotypes can be done directly based on this characteristics. By analyzing agromorphological characteristics for determining genetic distance, grouping of genotypes did not follow the pattern of geographical origin, and the largest genetic distance was determined for pairs Paradis and Sapporo, Paradis and PR92B63, then Dukat and Paradis. Using these combinations is most likely to increase the overall genetic variability of the soybean population. By comparing the mean values of genetic distances of the examined population based on morphological and agronomical traits, it can be concluded that the differences based on agronomical traits are smaller compared to morphological traits. Emphasis on the identified differences, here can be included and molecular markers, should be placed on the fact that different values of genetic distances depend on the size and structure of the tested population, the observed characteristics and the determination method. It is concluding that those groups of traits that predominate in their number and the number of categories within will also have a greater reflection on genetic diversity.

Key words: soybean, DUS, morphological traits, agronomic traits, genetic distance

## 9. PRILOG

### Prilog 1. Popis kratica, oznaka i simbola

AFLP	- Amplified Fragment Length Polymorphism; polimorfizam dužine amplificiranih ulomaka
ANOVA	- Analysis of Variance; analiza varijance
AST	- Apsolutno suha tvar
AVRDC	- Asian Vegetable Research and Development Centre
BBCH	- Biologische Bundesanstalt, Bundessortenamt und Chemische Industrie
CC	- Common Catalogue; zajednički katalog sorata poljoprivrednih biljnih vrsta
CNSGB	- Chinese National Soybean GeneBank
CPGRD	- Croatian Plant Genetic Resources Database; baza podataka biljnih genetskih izvora Republike Hrvatske
CPVO	- Community Plant Variety Office, Ured Zajednice za zaštitu biljnih sorti
CSR	- Centar za sjemenarstvo i rasadničarstvo
CV	- Coefficient of Variation; koeficijent varijacije
df	- Degrees of Freedom; broj stupnjeva slobode
DHMZ	- Državni hidrometeorološki zavod Republike Hrvatske
DNA	- Deoxyribonucleic Acid; deoksiribonukleinska kiselina
DUS	- Distinctness, Uniformiy and Stability; različitost, ujednačenost i postojanost
ECPGR	- European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources
EURISCO	- European Search Catalogue for Plant Genetic Resources
EST	- Expressed Sequence Tags
FAO	- Food and Agriculture Organization of the United Nations; Organizacija za hranu i poljoprivredu Ujedinjenih nacija
FAOSTAT	- Food and Agriculture Organization of the United Nations – the statistics division; statističko odijeljenje Organizacije za hranu i poljoprivredu Ujedinjenih nacija
GM	- Genetic Modifications; genetske modifikacije
H'	- Shannon index; Shannonov indeks raznolikosti
HAPIH	- Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu
INRA	- Institut National de la Recherche Agronomique
LSD	- Least Significant Difference; test najmanje značajne razlike
MAS	- Marker Assisted Selection; biljezima potpomognuta selekcija

---

NIAS	- National Institute of Agrobiological Sciences
NIT	- Near Infrared Transmittance; nedestruktivna metoda bliske infracrvene transmisije
NTSYS	- Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System
PCA	- Principal Component Analysis; analiza glavnih sastavnica
PCP	- Parallel Coordinate Plots; prikaz paralelnih koordinata
QTL	- Quantitative Trait Loci; lokusi kvantitativnih svojstava
RAPD	- Random Amplified Polymorphic DNA; nasumično amplificirana polimorfna DNA
RFLP	- Restriction Fragment Length Polymorphism; polimorfizam dužine restrikcijskih ulomaka
SAD	- Sjedinjene Američke Države
SEM	- Standard Error of the Mean; standardna pogreška aritmetičke sredine
SDS-PAGE	- Sodium Dodecyl Sulfate–Polyacrylamide Gel Electrophoresis; natrij dodecil sulfat - poliakrilamid gel elektroforeza
SLRH	- Sortna lista Republike Hrvatske
SNP	- Single Nucleotide Polymorphisms; polimorfizam jednog nukleotida
SSR	- Simple Sequence Repeats; jednostavne ponavljajuće sekvence-mikrosateliti
ST	- Suha tvar
STAR	- Statistical Tool for Agricultural Research
TG	- Test Guidelines; tehnički vodiči
UPGMA	- Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean; neponderirana metoda za sparivanje skupina na temelju prosječne vrijednosti
UPOV	- International Union for the Protection of New Varieties of Plants; Međunarodna unija za zaštitu novih biljnih sorti
USDA	- United States Department of Agriculture
VP	- Višegodišnji prosjek
$\sigma^2$	- Standard Deviation; standardna devijacija

## Prilog 2. Ocjene 19 morfoloških svojstava 74 genotipa soje

R.br.	Genotip	H-ac	B-tr	B-hb	B-bd	B-vs	L-nb	L-oll	L-vll	L-izb	C-b	M-isb	S-vz	S-oz	S-blj	S-opr	S-bh	S-bf	B-pcv	B-vdz
1	ALISA	1	4	4	1	5	5	4	7	6	1	4	4	4	1	1	3	1	3	4
2	ALIZ	9	4	2	2	5	6	3	6	5	2	5	6	2	1	2	2	1	3	4
3	ALTAPRO	1	4	3	1	5	6	3	6	6	1	4	4	1	1	1	2	1	3	2
4	AMPHOR	9	4	3	2	4	4	3	4	5	2	4	5	2	1	1	4	1	2	2
5	ANA	9	4	3	1	5	6	2	6	6	2	4	4	1	1	1	1	1	3	5
6	ANA NS	9	4	3	1	6	5	3	6	5	2	6	4	2	1	1	2	1	4	5
7	ANGELA PZO	9	4	4	2	5	5	3	5	5	2	5	5	3	1	2	2	1	1	5
8	APACHE	9	4	3	1	5	3	3	5	5	2	5	6	3	1	2	1	1	2	2
9	BALKAN	1	4	3	1	5	4	3	6	6	1	4	5	1	1	1	3	1	4	4
10	BOBITA	1	4	3	1	5	5	2	4	6	1	3	3	1	1	2	2	1	3	4
11	BOLYI 44	1	4	4	1	5	4	3	6	5	1	4	4	3	1	2	2	1	3	2
12	BRISTOL	9	4	4	2	4	7	3	4	6	2	7	6	2	1	2	2	1	1	3
13	BUGA	9	4	2	2	5	4	4	4	4	2	6	4	2	1	2	4	1	3	2
14	CARDIFF	9	4	3	2	4	6	3	5	5	2	4	5	2	1	2	1	1	1	2
15	COLOR	9	3	3	2	4	5	3	4	4	2	3	6	3	1	1	6	1	1	2
16	CORBETT	9	4	2	2	6	7	3	6	7	2	3	5	3	1	1	4	2	2	3
17	CORDOBA	9	4	3	2	4	4	3	4	5	2	4	5	3	1	2	2	1	2	2
18	DACCOR	9	3	2	2	4	5	3	4	4	2	5	5	3	1	2	1	1	1	1
19	DUKAT	9	4	4	2	6	4	3	5	4	2	5	3	2	1	2	6	1	4	4
20	EMA	9	4	3	2	5	4	3	4	4	2	6	5	2	1	1	4	1	4	4
21	ESSOR	9	3	2	2	4	4	3	5	5	2	5	6	3	1	2	1	1	2	1
22	GABRIELA	1	4	3	1	5	5	3	5	4	1	4	4	2	1	2	2	1	2	2
23	GALA PZO	9	4	3	2	5	4	3	4	5	2	5	5	1	1	2	3	1	2	4
24	GALINA	1	4	4	1	5	5	4	6	7	1	3	5	2	1	1	2	1	3	3
25	GALLEC	9	3	3	2	3	5	3	4	4	2	4	6	3	1	2	2	1	1	1
26	GOLDOR	1	4	3	2	5	3	3	6	7	1	5	5	3	1	1	4	1	5	3
27	HRVATICA	1	4	3	1	5	6	3	7	5	1	4	4	2	1	2	3	1	4	5
28	IDEFIX	9	4	2	2	5	4	3	5	5	2	6	5	3	1	2	4	1	2	2
29	IKA	9	4	3	1	6	5	3	5	5	2	5	3	1	1	2	2	1	4	4

## Prilog 2. (Nastavak)

R.br.	Genotip	H-ac	B-tr	B-hb	B-bd	B-vs	L-nb	L-oll	L-vll	L-izb	C-b	M-isb	S-vz	S-oz	S-blj	S-opr	S-bh	S-bf	B-pcv	B-vdz
30	IMARI	9	4	4	1	5	5	4	6	5	2	3	6	3	1	2	2	1	3	5
31	JANA	9	4	3	1	5	5	3	5	4	2	3	4	3	1	2	3	1	3	3
32	JOSEFINE	1	4	3	2	5	6	3	4	6	1	5	4	3	1	2	4	1	2	2
33	JULIJA	9	4	2	1	6	5	3	5	6	2	5	3	1	1	2	2	1	3	3
34	JULIJANA	9	4	2	1	6	3	4	5	5	2	5	5	3	1	2	3	1	3	4
35	KENT	9	4	2	2	5	4	2	4	6	2	6	5	2	1	2	2	1	2	2
36	KG EDEN	1	4	4	1	5	3	3	5	4	1	6	4	2	1	2	3	1	3	3
37	KORANA	9	4	2	2	5	4	3	4	4	2	5	5	3	1	2	4	1	2	2
38	KURCA	9	4	3	2	4	3	3	5	5	2	5	5	2	1	2	2	1	2	2
39	LAMBTON	9	4	3	2	5	5	3	5	3	2	6	7	3	1	2	4	1	1	2
40	LUCIJA	9	4	3	2	5	3	4	6	5	2	4	5	3	1	2	1	1	2	3
41	MARA	9	4	4	1	5	6	3	4	5	2	4	5	2	1	2	2	1	3	3
42	MERKUR	9	4	2	2	6	5	3	5	7	2	6	4	3	1	2	3	1	3	3
43	MERLIN	9	4	3	2	4	4	3	5	6	2	5	3	2	1	2	4	1	1	1
44	MINNPRO	9	4	4	1	5	5	3	7	4	2	5	5	2	1	2	2	1	2	3
45	NAYA	9	3	3	2	4	4	3	5	7	2	5	6	3	1	2	2	1	1	2
46	NEOPLANTA	9	4	3	1	5	4	3	5	6	2	5	3	1	1	1	2	1	4	4
47	OAC ERIN	1	3	4	1	4	3	3	3	3	1	3	4	2	1	2	2	1	2	1
48	OAC WALLACE	9	4	5	2	5	5	3	3	6	2	5	5	3	1	2	3	1	1	3
49	OS-17-13	1	4	3	1	5	5	3	5	5	1	4	4	2	1	1	3	1	3	3
50	PARADIS	9	2	3	2	3	3	3	4	6	2	5	7	2	1	2	4	1	1	1
51	PR92B63	9	4	3	1	7	4	3	5	5	2	6	4	1	1	1	3	1	5	5
52	PRIMAPRO	9	4	3	2	5	4	4	5	6	2	5	5	2	1	2	1	1	3	2
53	PROTEINKA	9	4	3	1	5	5	3	5	6	2	4	4	3	1	1	3	2	4	3
54	PROTINA	9	3	3	2	5	6	3	4	5	2	5	4	3	1	2	4	1	1	1
55	QUITO	9	3	3	2	4	3	3	4	5	2	7	6	2	1	1	1	1	1	2
56	RITA	9	3	3	2	4	4	3	4	4	2	5	6	3	1	1	4	1	1	1
57	RUŽICA	1	4	3	1	5	5	3	5	3	1	3	4	2	1	2	2	1	4	5
58	SANDA	9	4	2	1	6	6	3	6	5	2	3	5	3	1	2	3	1	3	3
59	SANJA	9	4	4	1	6	3	3	6	4	2	6	4	2	1	2	3	1	2	3
60	SAPORO	9	4	4	2	6	4	3	6	5	2	6	4	2	1	1	5	2	4	5
61	SARA	9	4	3	1	6	5	3	5	5	2	5	4	1	1	2	2	1	4	4

## Prilog 2. (Nastavak)

R.br.	Genotip	H-ac	B-tr	B-hb	B-bd	B-vs	L-nb	L-oll	L-vll	L-izb	C-b	M-isb	S-vz	S-oz	S-blj	S-opr	S-bh	S-bf	B-pcv	B-vdz
62	SATYNA	9	4	3	2	5	3	3	4	4	2	7	5	2	1	1	1	1	1	3
63	SEKA	9	4	3	1	6	5	3	6	5	2	6	4	1	1	1	2	1	4	5
64	SEPIA	9	4	2	2	4	4	3	4	4	2	5	3	3	1	2	3	2	1	1
65	SONJA	9	4	3	1	6	5	3	5	4	2	4	5	2	1	1	3	1	4	5
66	TEA	9	4	4	1	6	5	3	5	5	2	5	4	2	1	1	2	1	3	5
67	TENA	9	4	2	1	5	6	4	5	4	2	4	5	1	1	1	2	1	3	4
68	TISA	9	4	3	1	6	6	3	6	5	2	3	4	2	1	2	1	1	3	5
69	TOMA	9	4	2	1	5	6	2	5	6	2	5	3	1	1	2	2	1	3	3
70	VENERA	9	4	2	1	6	5	3	5	5	2	4	4	2	1	2	3	1	3	5
71	VITA	9	4	3	1	5	4	3	5	5	2	5	4	2	1	2	3	1	4	3
72	ZAGREPCANKA	9	4	3	1	5	5	3	5	4	2	4	4	2	1	1	2	1	3	3
73	ZLATA	1	4	3	1	6	4	4	5	5	1	3	3	2	1	1	4	2	3	5
74	ZORA	9	4	3	1	6	3	3	5	5	2	5	3	2	1	2	2	1	4	4

Hipokotil: obojenje antocijanom (H-ac), Biljka: Tip rasta (B-tr), Biljka: habitus (B-hb), Biljka: boja dlačica stabljike (B-bd), Biljka: visina (B-vs), List: naboranost (L-nb), List: oblik lateralne liske (L-oll), List: veličina lateralne liske (L-vll), List: intenzitet zelene boje (L-izb), Cvijet: boja (C-b), Mahuna: intenzitet smeđe boje (M-isb), Sjeme: veličina zrna (S-vz), Sjeme: oblik zrna (S-oz), Sjeme: boja ljuske bez hiluma (S-blj), Sjeme: obojenje ljuske prema peroksidaznoj aktivnosti (S-opr), Sjeme: boja hiluma (S-bh), Sjeme: boja funikule hiluma (S-bf), Biljka: početak cvatnje (B-pcv), Biljka: vrijeme dozrijevanja (B-vdz)





Prilog 4. Matrica Euklidskih udaljenosti 74 genotipa koje na temelju agronomskih svojstava u 2015. godini

Table with 74 columns representing genotypes (AUSA, IAUZ, ALTAIPHO, etc.) and 74 rows representing the same genotypes. Each cell contains a numerical value representing the Euclidean distance between two genotypes. The diagonal elements are all 0.000.



Prilog 6. Matrica Euklidskih udaljenosti 74 genotipa soje na temelju morfoloških i agronomskih svojstava

Table with columns for genotypes (e.g., AUSA, AUE, AIZAPARAMPORANA) and rows for the same genotypes, representing a distance matrix. The diagonal elements are all 0.0000. The matrix is symmetric.

## ŽIVOTOPIS

Ivan Varnica je rođen 11. veljače 1978. godine u Vinkovcima. Osnovnu je školu završio u Gradištu, a Opću gimnaziju u Vinkovcima. Diplomski je studij na Poljoprivrednom fakultetu Sveučilišta Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku upisao 1996. godine. Diplomski rad s temom „*Fusarium vrste izolirane s pšenice i kukuruza*“ pod mentorstvom prof. dr. sc. Jasenke Čosić je obranio 2002. godine te je stekao zvanje diplomiranog inženjera poljoprivrede općeg smjera. Radno je iskustvo započeo stjecati volontiranjem u Centru za sjemenarstvo i rasadničarstvo, Hrvatske agencije za poljoprivredu i hranu, gdje je potom odradio pripravnički staž nakon kojeg je nastavio rad kao stručni suradnik za ispitivanje novih sorti ratarskog bilja. Od siječnja 2011. godine je voditelj Odsjeka za poljske pokuse i statističku obradu podataka, a od lipnja 2018. godine voditelj Odjela za biljne sorte gdje koordinira poslovima priznavanja, zaštite, biljnim genetskim izvorima te suradnje s domaćim i međunarodnim institucijama za ista. Sveučilišni je poslijediplomski doktorski studij Oplemenjivanje bilja i sjemenarstvo na Poljoprivrednom fakultetu u Osijeku upisao 2013. godine. Vezano za obavljanje poslova priznavanja i zaštite sudjelovao je na brojnim radionicama u Hrvatskoj, Francuskoj (GEVES), Bugarskoj (EAVTFI), Poljskoj (COBORU), Latviji (LUA), Belgiji (CRAW-ILVO) i Nizozemskoj (NAK). U lipnju 2007. godine je boravio u Wageningenu (Nizozemska) na radionici za oplemenjivačko pravo – PVP Course. Tijekom 2007. (DL-205) i 2014. (DL-305) godine je završio UPOV i WIPO DL program sustava zaštite novih sorti pod UPOV-om konvencijom (Geneva, Švicarska). U 2010. godini je sudjelovao u organiziranju dviju radionica - Multi-beneficiary program of CPVO (EU) i UPOV TWA for Agricultural Crops, a u periodu od 2017. do 2019. na Projektu AGRO – DROUGHT – ADAPT – HRZZ - PKP-06-2016. Od 2014. godine pri Ministarstvu poljoprivrede je član triju Radnih grupa za priznavanje novih sorti poljoprivrednog bilja (industrijsko bilje, krmno bilje i krumpir). Od 2018. godine također pri Ministarstvu poljoprivrede je član Povjerenstva za priznavanje sorti krmnog bilja, žitarica, repa, povrća, krumpira, uljarica i predivog bilja. Sudjelovao je na nekoliko nacionalnih i internacionalnih znanstvenih i stručnih skupova agronoma. Kao autor i koautor objavio je pet a1, tri a2 i dvanaest a3 radova. Oženjen je i otac troje djece.