

# GENETSKA RAZLIČITOST GERMPLAZME OZIME KRUŠNE PŠENICE (*Triticum aestivum* L. ssp. vulgare)

---

**Petrović, Sonja**

*Source / Izvornik:* **Poljoprivreda, 2011, 17, 82 - 82**

**Journal article, Published version**

**Rad u časopisu, Objavljena verzija rada (izdavačev PDF)**

*Permanent link / Trajna poveznica:* <https://um.nsk.hr/um:nbn:hr:151:560260>

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

*Download date / Datum preuzimanja:* **2024-07-09**



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](#)



ISSN 1330-7142  
UDK = 631.523:633.11(043)

## GENETSKA RAZLIČITOST GERMLAZME OZIME KRUŠNE PŠENICE (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*)

Sonja Petrović, dipl.inž. <sup>(1)</sup>

Disertacija <sup>(2)</sup>

### SAŽETAK

Ispitana je genetska različitost na temelju agronomskih podataka, morfoloških svojstava i molekularnih podataka. Ciljevi istraživanja bili su: 1. procijeniti različitost germplazme pšenice pomoću agronomsko-morfoloških svojstava i molekularnih markera, 2. istražiti postojanje genetske erozije unutar ispitivane germplazme ozime pšenice i 3. ispitati mogućnost korištenja kombinacije agronomsko-morfoloških svojstava i molekularnih markera u procjeni genetske različitosti u oplemenjivačke svrhe. U istraživanje je uključeno 40 sorata ozime pšenice podrijetlom iz Hrvatske, Austrije, Francuske, Italije i Rusije. Poljski je pokus postavljen po slučajnome blok rasporedu u tri ponavljanja tijekom dvije vegetacijske godine (07./08., 08./09.). U analizu, na temelju agronomskih i morfoloških podataka, uključeno je po 10 svojstava. Sastav visokomolekularnih jedinica glutenina (HMW GS) utvrđen je za 16 genotipova, a za ostale podaci su dobiveni na temelju literaturnih podataka. Analiza sastava škroba temeljila se na izdavanju amiloze i amilopektina te njihove količine i omjera. Za SSR analizu korišteno je 26 mikrosatelita, a za AFLP korištene su četiri kombinacije početnica. Analizom varijance (ANOVA) utvrđene su statistički visoko opravdane razlike ( $p < 0,001$ ) između svih genotipova za sva ispitivana agronomska svojstva te za količinu amiloze i amilopektina. Utvrđena je velika varijabilnost HMW GS između ispitivanih genotipova. Procijenjena je genetska udaljenost na temelju morfoloških i molekularnih podataka. Obavljene su analize skupina, na temelju kojih su sastavljeni dendogrami, a na temelju genetske udaljenosti molekularnih podataka obavljena je analiza molekularne varijance (AMOVA). Unutar i između ispitivanih genotipova utvrđena je genetska različitost za morfološke i molekularne podatke. SSR i AFLP markeri pokazali su visok stupanj polimorfizma između ispitivanih genotipova te sposobnost razlikovanja vrlo srodnih genotipova. Utvrđena je značajna korelacija između dvije molekularne metode, koje su se pokazale učinkovitije u utvrđivanju genetske različitosti u odnosu na agronomska i morfološka svojstva.

Ključne riječi: pšenica, genetska različitost, agronomska svojstva, morfološka svojstva, SSR, AFLP

## GENETIC DIVERSITY OF WINTER BREAD WHEAT (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*)

Doctoral thesis <sup>(2)</sup>

### SUMMARY

Diversity was analyzed based on agronomic and morphologic traits and molecular data.

The main objectives of this study were: 1. to estimate genetic diversity of wheat germplasm using agronomic and morphologic traits and molecular markers, 2. to investigate the existence of genetic erosion within tested wheat germplasm, 3. to explore potential utilization of combination of agronomic, morphologic and molecular markers in plant breeding. Forty winter bread wheat varieties were used originating from Croatia, Austria, France, Italy and Russia. Field trial was conducted during two vegetation years (2007/2008, 2008/2009) in three replications according to randomized block design. Ten traits were included in agronomic and morphologic analysis. Composition of high molecular weight glutenin subunits (HMW GS) was evaluated for 16 varieties, whereas literature data are used for the rest. Starch composition analysis was based on amylose and amylopectin isolation, their quantity and ratio. For the SSR analysis 26 microsatellite primers were used, and for the AFLP analysis four primer combinations. Statistical analysis was performed using SAS Software 9.1.3, NTSYS ver.2.2., Arlequin ver.2.0. and Powermarker ver.3.25. Analyzed varieties displayed highly significant differences ( $p < 0,001$ ) for all agronomic traits and for amylose/amylopectin ratio. High variability of HMW GS was found among varieties. Estimation of genetic diversity based on morphologic and molecular data were used to construct dendograms. AMOVA was used to evaluate variability based on molecular data. Genetic diversity was estimated among and within morphologic and molecular data. SSR and AFLP markers showed efficient discrimination power between highly related genotypes. Significant correlation was found out between two molecular methods which showed more accurate estimate of genetic diversity than by agronomic and morphologic data.

Key-words: wheat, genetic diversity, agronomic traits, morphologic traits, SSR, AFLP

(1) Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku/J.J. Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agriculture in Osijek, Trg Sv. Trojstva 3, Osijek (spetrovic@pfos.hr)

(2) Disertacija je obranjena na Sveučilištu Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Poljoprivrednom fakultetu u Osijeku 10. ožujka 2011. godine/ Doctoral thesis was defended at J.J. Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agriculture in Osijek on 10th March 2011