

EVALUAREA CAPACITAȚII DE COMBINARE A UNOR LINII DE PORUMB CU BAZĂ GENETICĂ NECUNOSCUTĂ

Danu GAGEA

*Departamentul Agronomie și Mediu, grupa SGCA-201, Facultatea Științe Agricole,
Silvice și ale Mediului, Universitatea Tehnică a Moldovei, Chișinău, Republica Moldova*

Autorul corespondent: Grigorii Batîru, grigorii.batiru@am.utm.md

Îndrumătorul/coordonatorul științific: **Grigorii BATÎRU**, dr. conf. univ., UTM

Rezumat. Scopul cercetării a constat în analiza capacității de combinare generale și specifice la 12 linii consangvinizate de porumb a căror bază genetică este necunoscută, în experiențe de tip top-cross. Cercetările s-au realizat în condițiile anului 2023. În calitate de testerii au fost utilizate două linii din grupe heterotice alternative. Pentru aprecieri a fost cercetată recolta în două repetiții amplasate în schemă de bloc randomizat. Analiza varianței a arătat o cotă de acțiune semnificativă a liniilor cercetate și testerilor în exprimarea diferențelor statistice. Capacitatea generală și cea specifică de combinare pentru toate liniile studiate au avut valori atât negative, cât și pozitive, dar nesemnificative la limita statistică a probabilității de 0,05, ceea ce denotă că materialul cercetat a fost deja preselectat la acest indice în cicluri anterioare de ameliorare. Datele obținute permit diferențierea genetică preliminară a liniilor în grupe heterotice alternative conform capacității lor de combinare.

Cuvinte cheie: porumb, linii consangvinizate, capacitate generală de combinare, capacitate specifică de combinare.

Introducere

Porumbul este una din cele mai importante culturi cerealiere datorită productivității ridicate și a multiplelor sale întrebunțări în alimentație, zootehnie și industrie [1].

Sporirea productivității porumbului în prezent se realizează prin exploatarea fenomenului de heterozis obținut la încrucișarea unor linii consangvinizate genetic distincte, de regulă din grupe heterotice alternative [2]. În procesul de ameliorare, una din problemele curente inclusiv la porumb constă în aprecierea materialului biologic în vederea evaluării potențialului de utilizare ca material inițial [3, 4].

Scopul cercetării a constat în analiza capacității de combinare generale și specifice la 12 linii consangvinizate de porumb a căror bază genetică este necunoscută, în experiențe de tip top-cross. Ca obiective au servit: (1) analiza varianței, (2) aprecierea capacității generale de combinare, (3) aprecierea capacității specifice de combinare.

Material și metode

Cercetările s-au realizat în condițiile anului 2023 în localitatea Hîrtopul Mare, rl Criuleni. Au fost cercetate 12 linii consangvinizate de porumb care nu sunt apreciate grupele heterotice, iar în calitate de testerii au fost utilizate două linii din grupe heterotice alternative. Pentru aprecieri au fost cercetate talia plantelor, înălțimea de inserție a știuletelui, recolta, masa o mie de semințe în două repetiții amplasate în schemă de bloc complet randomizat. Aprecierea capacității de combinare a fost realizată cu ajutorul programului AGD-R [5].

Rezultate și discuții

Analiza varianței a arătat o cotă de acțiune semnificativă a liniilor cercetate precum și a testerilor în exprimarea diferențelor statistice a caracterului cercetat, precum și o interacțiune dintre linii și tester (Tab.1). Valorile probabilității au fost semnificative la limita de 0,05.

Tabelul 1

Analiza varianței pentru recoltă

Sursa	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Repetiția	1	2310.188	2310.188	2.813973	0.107
Genotipul	23	1.51E+08	6547186	7974.938	<0.05
Linia	11	43071265	3915570	4769.442	<0.05
Testerul	1	18381207	18381207	22389.62	<0.05
Linie:Tester	11	89132796	8102981	9870.008	<0.05
Residuals	23	18882.31	820.9701		

Capacitatea generală de combinare pentru toate liniile studiate au avut valori atât negative, cât și pozitive, dar ne semnificative la limita statistică a probabilității de 0,05 (Tab.2). Valorile GCA prezintă interes pentru procesul de ameliorare, în dependență de direcția dorită.

Liniile care prezintă valori pozitive ale GCA pentru recoltă pot fi utilizate în continuare a genitori pentru procesul de ameliorare la recoltă sporită. Valorile statistic ne semnificative la limita probabilității de 0,05 denotă că materialul cercetat a fost deja preselecat la acest indice în cicluri anterioare de ameliorare

Tabelul 2

Capacitatea generală de combinare

Linia	Media	GCA	St_Error	T_Value	Prob_T	RANK
L2133	7919.49	1800.35	947.27	1.90	0.08	1
L2136	7633.70	1514.57	947.27	1.60	0.14	2
L2111	7128.31	1009.17	947.27	1.07	0.31	3
L2130	6269.60	150.46	947.27	0.16	0.88	4
L2112	6208.01	88.88	947.27	0.09	0.93	5
L2109	5883.61	-235.53	947.27	-0.25	0.81	6
L2110	5862.07	-257.06	947.27	-0.27	0.79	7
L2128	5842.61	-276.52	947.27	-0.29	0.78	8
L2107	5444.51	-674.62	947.27	-0.71	0.49	9
L2114	5432.65	-686.48	947.27	-0.72	0.48	10
L2132	5125.00	-994.13	947.27	-1.05	0.32	11
L2135	4680.05	-1439.09	947.27	-1.52	0.16	12

Afinitatea genetică a liniilor la un tester sau altul pot fi observate pe baza Capacității Specifice de combinare.

În esență, cu cât valorile SCA sunt pozitive și mai mari cu atât distanța genetică dintre linie și tester este mai mare, și invers.

Cel mai important caracter este recolta, care răspunde cel mai bine la capacitatea de combinare.

Astfel, s-au obținut valori pozitive și negative ale SCA. De regulă, valorile SCA în combinație cu testerul 1 vor fi în ordine inversă cu testerul 2 (Tab.3). Prin urmare, se observă ca valorile SCA pozitive maxime pentru testerul 1 sunt specifice liniilor 2128 și 2109, iar pentru testerul 2 – liniile 2136, 2130 și 2135. Aceste combinații pot fi utilizate ca forme parentale în hibridi comerciali.

Tabelul 3

Capacitatea specifică de combinare cu Testerul 1

Linia	Media Linie×Tester	Media liniei	Media testerului	SCA	St. Error	T_Value	Prob_T
L2128	7562.7	5842.6	5500.3	2338.9	1362.7	1.7	0.10
L2109	7184.0	5883.6	5500.3	1919.2	1362.7	1.4	0.17
L2133	8257.1	7919.5	5500.3	956.5	1362.7	0.7	0.49
L2112	6263.7	6208.0	5500.3	674.5	1362.7	0.5	0.63
L2110	5722.1	5862.1	5500.3	478.9	1362.7	0.4	0.73
L2107	5276.9	5444.5	5500.3	451.2	1362.7	0.3	0.74
L2114	4663.7	5432.7	5500.3	-150.2	1362.7	-0.1	0.91
L2111	6182.7	7128.3	5500.3	-326.8	1362.7	-0.2	0.81
L2132	3745.0	5125.0	5500.3	-761.2	1362.7	-0.6	0.58
L2135	2568.0	4680.0	5500.3	-1493.3	1362.7	-1.1	0.28
L2130	3735.0	6269.6	5500.3	-1915.8	1362.7	-1.4	0.17
L2136	4842.8	7633.7	5500.3	-2172.0	1362.7	-1.6	0.12

Tabelul 4

Capacitatea specifică de combinare cu Testerul 2

Linia	Media Linie×Tester	Media liniei	Media testerului	SCA	St. Error	T_Value	Prob_T
L2136	10424.6	7633.7	6738.0	2172.0	1362.7	1.6	0.12
L2130	8804.2	6269.6	6738.0	1915.8	1362.7	1.4	0.17
L2135	6792.1	4680.0	6738.0	1493.3	1362.7	1.1	0.28
L2132	6505.0	5125.0	6738.0	761.2	1362.7	0.6	0.58
L2111	8073.9	7128.3	6738.0	326.8	1362.7	0.2	0.81
L2114	6201.6	5432.7	6738.0	150.2	1362.7	0.1	0.91
L2107	5612.1	5444.5	6738.0	-451.2	1362.7	-0.3	0.74
L2110	6002.0	5862.1	6738.0	-478.9	1362.7	-0.4	0.73
L2112	6152.4	6208.0	6738.0	-674.5	1362.7	-0.5	0.63
L2133	7581.8	7919.5	6738.0	-956.5	1362.7	-0.7	0.49
L2109	4583.2	5883.6	6738.0	-1919.2	1362.7	-1.4	0.17
L2128	4122.5	5842.6	6738.0	-2338.9	1362.7	-1.7	0.10

Combinățiile cu valori negative ale SCA denotă apropiere genetică între linie și tester și deci pot fi utilizate ca surse de noi linii.

Concluzii

1. Analiza varianței a arătat o cotă de acțiune semnificativă a liniilor cercetate și a testerilor în exprimarea diferențelor statistice după recoltă, precum și o interacțiune dintre linii și tester.
2. Capacitatea generală și cea specifică de combinare pentru toate liniile studiate au avut valori atât negative, cât și pozitive, dar ne semnificative la limita statistică a probabilității de 0,05, ceea ce denotă că materialul cercetat a fost deja preselectat la acest indice în cicluri anterioare de ameliorare.
3. Datele obținute permit diferențierea genetică preliminară a liniilor în grupe heterotice alternative conform capacității lor de combinare.

Mulțumiri. Exprim recunoștință coordonatorului, dlui Batîru Grigorii, dr. conf. univ. pentru suport în realizarea cercetărilor și pregătirea acestui material.

Referințe

- [1] P. Ranum, J. P. Peña-Rosas, and M. N. Garcia-Casal, "Global maize production, utilization, and consumption," *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, vol. 1312, no. 1, pp. 105–112, 2014, doi: 10.1111/nyas.12396.
- [2] M. J. Carena, A. R. Hallauer, and J. B. M. Filho, *Quantitative Genetics in Maize Breeding*, vol. 148. 2010.
- [3] A. Palii, *Ameliorarea plantelor*. Chișinău: Foxtrot, 2014.
- [4] A. R. Hallauer, W. A. Russell, and K. R. Lamkey, "Corn Breeding," in *Corn and Corn Improvement*, Third Edit., G. F. Sprague and J. W. Dudley, Eds. Madison, Wisconsin, USA: American Society of Agronomy, Inc. Crop Science Society of America, Inc. Soil Science Society of America, Inc., 1988, pp. 463–564.
- [5] F. Rodríguez, G. Alvarado, R. Á. Pacheco-Gil, J. Crossa, and J. Burgueño, "AGD-R (Analysis of Genetic Designs with R for Windows)." CIMMYT Research Data & Software Repository Network, V15, 2015.