

Asocijacijske studije kod kukuruza - fenotipizacija je jedini preostali posao?

Ivan Brkić, Antun Jambrović, Andrija Brkić, Tatjana Ledenčan, Josip Brkić, Zvonimir Zdunić, Domagoj Šimić

Poljoprivredni institut Osijek, Južno predgrađe 17, Osijek, Hrvatska (domagoj.simic@poljin.hr)

Sažetak

Asocijacijske studije su molekularno-genetička istraživanja temeljena na neravnoteži vezanosti gena korištenjem rekombinacije i prirodne genetske različitosti germplazme za analizu kvantitativnih svojstava. Asocijacijska analiza je zapravo alternativna metoda visoke razlučivosti za mapiranje lokusa kvantitativnih svojstava (QTL) koja zahtijeva veliki broj molekularnih biljega i što je moguće veći broj nesrodnih primki iz više nestrukturiranih populacija. Genotipizacija i fenotipizacija u asocijacijskom mapiranju imaju za cilj identificirati stvarne gene koje kontroliraju neko kvantitativno svojstvo, a ne samo relativno velike kromosomske segmente.

Kod kukuruza su već genotipizirani u visokoj razlučivosti tisuće najvažnijih genetskih primki pomoću velikog broja SSR and SNP biljega i podaci su dostupni javnosti (panzea.org), pa se čini da u rodu Zea daljnja genotipizacija više nije potrebna. U ovom radu pokazat ćemo na primjeru kvantitativnih svojstava prirodne otpornosti protiv kukuruzne zlatice da je daljnja genotipizacija novih primki od velikog interesa. Međutim, čini se da za razvoj asocijacijskih studija i oplemenjivanja kukuruza uopće, postaje od ključne važnosti temeljita fenotipizacija koja će i dalje biti najvažniji posao oplemenjivača.

Ključne riječi: fenotipizacija, genotipizacija, kukuruz, kvantitativna svojstva

Association studies in maize - is phenotyping the only remaining job?

Ivan Brkić, Antun Jambrović, Andrija Brkić, Tatjana Ledenčan, Josip Brkić, Zvonimir Zdunić, Domagoj Šimić

Agricultural Institute Osijek, Južno predgrađe 17, Osijek, Croatia (domagoj.simic@poljin.hr)

Summary

Association studies are molecular-genetic examinations which utilize ancestral recombinations and natural genetic diversity in germplasm to dissect quantitative traits on the basis of the linkage disequilibrium. Actually, association mapping is an alternative high-resolution method for mapping quantitative trait loci (QTL) requiring large number of molecular markers and using as many as possible unrelated individuals from unstructured populations. Genotyping and phenotyping in association mapping have goal to identify the actual genes affecting a quantitative trait, rather than just (relatively large) chromosomal segments.

In maize, thousands of most important genetic stocks are already genotyped by large number of SSR and SNP markers in high-resolution and the data are publicly available (panzea.org), so it seems that genotyping in genus *Zea* is practically done. In this study, we will demonstrate in case of quantitative traits of native resistance against western corn rootworm that further genotyping of new stocks is of prime interest. However, it seems that thorough phenotyping becomes crucial for development of association studies and maize breeding in general, and it remains the most important breeder's job.

Key words: phenotyping, genotyping, maize, quantitative traits