

A genetikai diverzitás vizsgálata sugárkezelt kukoricavonalakban és kapcsolata hibridjeik teljesítményével

Bódi Zoltán¹ – Pepó Pál¹ – Zubor Ákos² –
Tóth Szilárd¹ – Prokisch József² – Győri Zoltán²

Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum,
Mezőgazdaságtudományi Kar,

¹Genetikai és Nemesítési Tanszék,

²Élelmiszertudományi és Minőségbiztosítási Tanszék, Debrecen
zbodi@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

A sikeres hibrid kukoricanevelés alapja a felhasznált szülői vonalak közötti genetikai különbözőség ismerete. Tanulmányunk célja az volt, hogy becsüljük (1) a genetikai hasonlóságot és a genetikai távolságot (Jaccard index alapján) 4 beltenyésztett kukoricavonal között, (2) a vonalak csoportosítását a genetikai távolság és a genetikai hasonlóság alapján, (3) a genetikai távolság és a terméseredmények alapján a hibridek teljesítményét 4×4 teljes diallél rendszerben. A genetikai polimorfizmus becsléséhez morfológiai leírást és AFLP (felerősített fragment hossz polimorfizmus) technikát használtunk. Megbecsültük a genetikai hasonlóság használhatóságát az SC hibridek (egyeses és reciprok keresztezések) teljesítményének előrejelzésében.

A három AFLP primer kombináció összesen 208 amplifikált, ebből 70 polimorf AFLP sávot eredményezett. A genetikai hasonlóság, a genetikai távolság és a morfológiai leírás alapján elkészített dendrogramok jól definiálható csoportokra osztották a négy beltenyésztett vonalat. A morfológiai leírás csak az AFLP analízissel mutatott megbízható eredményt a kitűzött cél tekintetében. A rokonsági körök és a genetikai távolságok ismeretében az UDL 1 vonal egyeses és reciprok keresztezései mutattak jelentős heterózishatást, melyet a terméseredmények alapján készített heterózis számítás is alátámasztott.

Kulcsszavak: kukorica (*Zea mays* L.), genetikai diverzitás, AFLP, morfológiai leírás, hibrid teljesítmény

SUMMARY

Knowledge of genetic diversity among available parental lines is fundamental for successful hybrid maize breeding. The aims of this study were to estimate (1) genetic similarity (GS) and genetic distance (GD) (based on Jaccard index) in four maize inbred lines; (2) to classify the lines according to their GD and GS; (3) to determine hybrid performance based on GD and heterosis for yield ability in 4x4 full diallel system. We used morphological description and AFLP (amplified fragment length polymorphisms) for estimation genetic polymorphism in four maize inbred lines. We estimated the applicability of genetic similarity in SC and reciprocal hybrids for prediction of their performance.

Three primer combinations were used to obtain AFLP markers, producing 207 bands, 70 of which were polymorphic. The dendrogram based on genetic similarities (GS) and genetic distance (GD) and morphological description separated four inbred lines into well-defined groups. Morphological description just with AFLP analysis showed reliable results. In view of genetic distance, the UDL 1 line and their linear and reciprocal crosses

showed significant heterosis effect, which was confirmed by heterosis calculation based on grain yield.

Keywords: AFLP, genetic diversity, hybrid performance, maize (*Zea mays* L.), morphological description

BEVEZETÉS, IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A kukoricanevelés egyetlen perspektívája a hibridnevelés. A heterózisnevelés alapja, hogy a kiinduló szülői vonalak genetikailag eltérő származásúak legyenek. A megfelelő hibridkombinációk előállításához, a nemesítési munka megtervezéséhez elengedhetetlen tisztázni a beltenyésztett vonalak közötti genetikai rokonság mértékét. A genetikai különbözőség megállapítására a morfológiai – DUS bélyegek – vizsgálati módszerek mellett a molekuláris genetikai markerek alkalmazása is segítséget nyújthat. A morfológiai jellemzők használata nagyon korlátozott, hiszen nagyban befolyásolhatják a genetikai kapcsolat érvényre jutását a környezeti tényezők, így a genetikai távolság becslését bizonytalanná teszik (Smith és Smith, 1989). A DUS-vizsgálatok eredményeként kapott fajtaleírások segítségével a leghasonlóbb fajta meghatározása, illetve a hasonlósági csoportok vizsgálata is lehetségessé válik (Veress és Matók, 1999).

A kukoricanevelésben használatos molekuláris markerzésre alapozott azonosítási technikák (izoenzim, RFLP, RAPD, stb.) döntően a nemesítési alapanyagbázis (gene stock) genetikai változékonyságát és annak mértékét, a heterózis mértékének előrejelzését, fajtavédelmi kérdések tisztázását segítheti elő (Hajósné Novák et al., 1996, Nagy et al., 2000, 2003). Az utóbbi néhány évtizedben a kukoricanevelés szűk genetikai bázisra épült, mely magában hordozza a genetikai diverzitás csökkenésének a veszélyét, és korlátozhatja a genetikailag eltérő szülők közötti keresztezés lehetőségét. Ez a múltban, de napjainkban is számos problémát vehet fel, elsősorban a hibrid betegségekkel szembeni esetleges ellenálló-képességének csökkenésén túl az alkalmazkodóképességében egyaránt (Hallauer et al., 1988, cit. Messmer et al., 1993; Rady és Nagy, 1996; Bódi és Tóth, 2005). A genetikai változékonyság növelésének egyik hatékony módszere a kukoricánál az indukált mutáció alkalmazása (Pepó és Tóth,

2004). Az indukált mutáció jelentős szerepet játszik a biodiverzitás növelésében, hiszen nagyszámú mutáns kukoricavonalat használnak fel különböző nemesítési célból a világ számos országában (Maluszynski et al., 2000).

A mutációk azonosítási és nemesítési technikákban elterjedten használják a PCR-*(polymerase chain reactions)* alapú eljárásokat (Anonymus, 2004; Li és Zhang, 2002). Molekuláris markerekkel a genotípusok hasonlósága közvetlen összehasonlíthatóvá válik DNS szinten. DNS szinten történő genetikai változékonyság becslését már hosszú ideje használják a kukoricanevelési kutatásokban. Több tanulmány készült az RFLP *(restriction fragment length polymorphism)* alkalmazásáról a kukoricában (Messmer et al., 1992). Az RFLP technikával nagyszámú polimorfikus lókuszt lehetett kimutatni a vizsgálatok során, de néhány hátránya miatt az alternatív marker rendszerekre alapozott PCR technikák irányába fordultak a kutatások (Oliveira et al., 2004). Ilyen PCR technika az AFLP *(amplified fragment length polymorphisms)* (Vos et al., 1995). AFLP technika a teljesen emésztett genomikus DNS restrikciós fragmentumok szelektív PCR felerősítésén alapszik (Vos et al., 1995). Az AFLP markerek magas reprodukálhatóságot mutatnak, ellentétben az RAPD markereivel (Lübberstedt et al., 2000; Pepó, 2005). Az RFLP-vel szemben az AFLP nagy előnye az, hogy olyan kapcsoltsági csoportok, amelyek azonosítása nem lehetséges az RFLP-vel, kimutatható az AFLP technikával, különösen a telomer környéki régióban, ami korábban szinte teljesen mentes volt detektálható markerektől (Ajmone et al., 2001). Nagy előnye az AFLP módszernek, hogy egyetlen PCR reakció jelentős polimorfizmus detektálását teszi lehetővé bármilyen DNS szekvencia előzetes ismerete nélkül (Ajmone et al., 1998).

Az AFLP előnyös tulajdonságai, hogy kivitelezéséhez nincs szükség előzetes szekvencia-információkra, ezenkívül a reakciók eredményeként kapott komplex sávminiatúrákban közeli rokon genotípusok esetén is viszonylag nagy valószínűséggel található több lókuszt nézve polimorfikus fragmentumok (Nagy, 1999; Zubor et al., 2003). AFLP markereket alkalmaztak kukoricában a genetikai távolság és a hibridek teljesítőképességének összehasonlító vizsgálatánál (Ajmone et al., 1998) és beltenyészett kukoricavonalak genetikai hasonlóságának összehasonlító elemzésénél (Pejic et al., 1998).

A párosítási modellek közül a diallél keresztezést alkalmazzák a legáltalánosabban, mivel ezzel nyerhető a vizsgált genotípusokról a legteljesebb körű genetikai információ. Lényege a beltenyészett törzsek genetikai értékének keresztezéseikben megmutatózó teljesítőképességük alapján történő elbírálása, az N számú szülőtől származó összes lehetséges keresztezési kombináció alapján létrejött N² tagból álló anyagot, mint pánmixissel létrejött populáció elemezve (Csizmadia, 2001).

Tanulmányunk célja a négy beltenyészett kukoricavonal közötti genetikai különbözőség és genetikai távolság becslése morfológiai és DNS szintű elemzés útján. Megbecsültük a genetikai hasonlóság használhatóságát az SC hibridek (egyenes és reciprok keresztezések) teljesítményének előrejelzésében.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A növényanyag származása

Vizsgálataink alapját 4 indukált mutációval létrehozott beltenyészett vonal képezte (1. táblázat). A nemesítési alapanyag létrehozásának leírását az alábbi publikációk tartalmazzák: Maráz et al., 1993, Pepó és Tóth, 2004. Minden egyes beltenyészett vonal a több, mint tízéves beltenyésztes által homozigótának tekinthető.

1. táblázat

A vizsgált beltenyészett vonalak eredete

Vonal(1)	Eredet(2)
UDL1	F ₁ *(NK-PX14)M ₂ **
UDL4	F ₁ *(Pi3978SC)M ₃ **
UDL5	F ₁ *(Pi3764MTC)M ₃ **
UDL6	F ₁ *(Pi3478)M ₂ **

*a keresztezés utáni első nemzedék(3)

**n-edik mutációs nemzedék(4)

Table 1: Origin of the inbred lines

Line(1), Origin(2), First generation after crosses(3), nth mutant generation(4)

A terméseredmények megállapításához szükséges szántóföldi kísérletet a Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Genetikai és Nemesítési Tanszék kísérleti terén került beállításra véletlen blokk elrendezésben, 4 ismétlésben, 2004 és 2005-ös években. Az egyes parcellák hossza 5 m volt. Az alkalmazott sortávolság 70 cm, a tőtávolság pedig 20 cm volt, így parcellánként 50 db növény képezte a kísérlet anyagát. A teljes diallél rendszer növényi anyagát a 4 beltenyészett vonal és ennek 12 F₁ hibrid vetőmagja képezte. A teljes diallél rendszer genotípusonkénti összetételét a 2. táblázat összegzi.

2. táblázat

A teljes diallél rendszer genotípusonkénti összetétele

Szülői vonalak(1)	UDL 1	UDL 4	UDL 5	UDL 6
UDL 1	Self	UDH 1	UDH 2	UDH 3
UDL 4	UDH 4	Self	UDH 5	UDH 6
UDL 5	UDH 7	UDH 8	Self	UDH 9
UDL 6	UDH 10	UDH 11	UDH 12	Self

Table 2: A genetic background of the full diallel system
Parental lines(1)

A DNS nyéréshez 10-12 napos növények leveleit használtuk fel. A csiráztatást a magvak fertőtlenítése után steril körülmények között táptalajon (MS) végeztük.

Morfológiai leírás

A felvételezett tulajdonságokat parcellánként 15 növény átlagából határoztuk meg az CPVO TP/2/2 vizsgálati irányelv szerint (3. táblázat).

3. táblázat

A vizsgált tulajdonságok leírása (CPVO TP/2/2)

CPVO TP/2/2 száma(1)	T u l a j d o n s á g(2)
3.	Levél: a levéllemez és a szár által bezárt szög (közvetlenül a legfelső jól fejlett cső felett)(3)
4.	Levél: a levéllemez állása(4)
5.	Szár: a harmatgyökerek antociános színeződése(5)
6.	Címer: a himvirágzás időpontja (a főtengely középső harmadában, a növények 50%-án)(6)
7.	Címer: a kalászkapelyva alapjának antociános színeződése (a főtengely középső harmadában)(7)
8.	Címer: a kalászkapelyva antociános színeződése az alap nélkül(8)
9.	Címer: a portok antociános színeződése(9)
10.	Címer: a főtengely kalászkáinak tömörsége(10)
11.	Címer: a főtengely és az oldalágak közötti szög (a címer alsó harmadában vizsgálva)(11)
12.	Címer: az oldalágak állása(12)
13.	Címer: az elsőrendű elágazások száma(13)
14.	Cső: a bibe megjelenésének időpontja (a növények 50%-án)(14)
15.	Cső: a bibe antociános színeződése(15)
17.	Levél: a levélhüvely antociános színeződése (a növény közepén)(16)
18.	Címer: a legelső oldalág feletti főtengely hossza(17)
19.	Címer: a legfelső oldalág feletti főtengely hossza(18)
21.1.	Növény: magassága a címerrel együtt(19)
22.	Növény: a főcsőeredés magasságának viszonya a növénymagassághoz(20)
24.	Cső: a csőkocsány hossza(21)
25.	Cső: hossza (a csuhé nélkül)(22)
26.	Cső: vastagsága (a középső részén)(23)
27.	Cső: alakja(24)
28.	Cső: a szemsorok száma(25)
29.	Cső: szemtípus (a cső középső harmadában)(26)
30.	Cső: a szemkorona színe(27)
31.	Cső: a szem hátoldalának színe(28)
32.	Cső: a csutka antociános színeződése(29)
33.	Cső: a csutka antociános színeződésének intenzitása(30)

Table 3: Characteristics of investigated lines by CPVO TP/2/2

Characteristics(1), Number of CPVO TP/2/2(2), Leaf: angle between blade and stem (on leaf just above upper ear)(3), Leaf: attitude of blade(4), Stem: anthocyanin colouration of brace roots(5), Tassel: time of anthesis (on middle third of main axis, 50% of plants)(6), Tassel: anthocyanin colouration at base of glume (in middle third of main axis)(7), Tassel: anthocyanin of glumes excluding base(8), Tassel: anthocyanin of anthers(9), Tassel: density of spikelets(10), Tassel: angle between main axis and lateral branches(11), Tassel: attitude of lateral branches(12), Tassel: number of primary lateral branches(13), Ear: time of silk emergence(14), Ear: anthocyanin colouration of silks(15), Leaf: anthocyanin colouration of sheath (in middle of plant)(16), Tassel: length of main axis above lowest side of branch(17), Tassel: length of main axis of upper side of branch(18), Plant: Length (tassel included)(19), Plant: ratio height of insertion of upper ear to plant height(20), Ear: length of peduncle(21), Ear: length (without husk)(22), Ear: diameter (in middle)(23), Ear: shape(24), Ear: number of rows of grain(25), Ear: type of grain (in middle third of ear)(26), Ear: colour of top of grain(27), Ear: colour of dorsal side of grain(28), Ear: anthocyanin colouration of glumes of cob(29), Ear: intensity of anthocyanin colouration of glumes of cob(30)

DNS izolálás

A kukoricavonalakból a genomikus DNS izolálását a QIAGEN DNeasy Plant Mini Kit segítségével végeztük el. Az izoláláshoz folyékony nitrogénnel roncsoltuk a 10-12 napos csíranövények levélzetét. A DNS minőségét 0,8% agaróz gélen történő futtatással ellenőriztük. A kivont DNS-t felhasználásig -20 °C-on tároltuk.

AFLP analízis

A kivont genomiális DNS-t 1 órán keresztül 37 °C-on EcoRI restrikciós endonukleázzal, majd 20 percig 67 °C-on Tru1I (Mse I) restrikciós endonukleázzal emésztettük. Ezután a kettősen emésztett DNS mintát alkoholos kicsapással megtisztítottuk az enzimektől. A keletkezett DNS fragmentumokhoz az endonukleázok hasítási mintázatainak megfelelő adaptereket ligáltunk T4 ligázzal 2 órán keresztül 20 °C-on.

A ligált mintákat preAFLP PCR alkalmazásával, egy szelektív bázist tartalmazó primerpárral (EcoRI és MseI) felszaporítottuk, majd újra AFLP PCR-t alkalmaztunk, de most már három szelektív bázist tartalmazó primereket használtunk. A három szelektív bázist tartalmazó primereket a következő párosításban alkalmaztuk. Egy fele Eco RI primert használtunk, amely lézerindukciós festékkel volt jelölve, hogy a keletkezett PCR termékeket kapilláris elektroforézissel ki lehessen mutatni. Emellett három, eltérő kiterjesztésű MseI primert alkalmaztunk külön-külön PCR reakciókban, de mindig ugyanazzal az EcoRI primerrel. Így három eltérő primerkombinációval előállított fragmentum mintázatot kaptunk, melyeket kapilláris gélelektroforézissel vizsgáltunk. Ez utóbbi a gödöllői Mezőgazdasági Biotechnológiai Központban került elvégzésre. Az így kapott diagramokat statisztikai módszerekkel értékeltük ki.

Statisztikai analízis

Az adatok feldolgozásához az SPSS 11.5 cluster-analízist használtuk fel. Eszerint értékeltük a standardizált morfológiai adatokat, illetve a kapilláris gélelektroforézissel kapott mintázatokat. A mintázatokat binárisan kódoltuk (1=fragmentum jelenlét; 0=nemlét). A Jaccard index (Hajósné, 1999) alapján meghatároztuk a vonalak genetikai hasonlóságát, illetve a genetikai távolságot.

1. ábra: A négy beltenyésztett vonal morfológiai értékelése (DUS) alapján végzett cluster analízis dendogramja

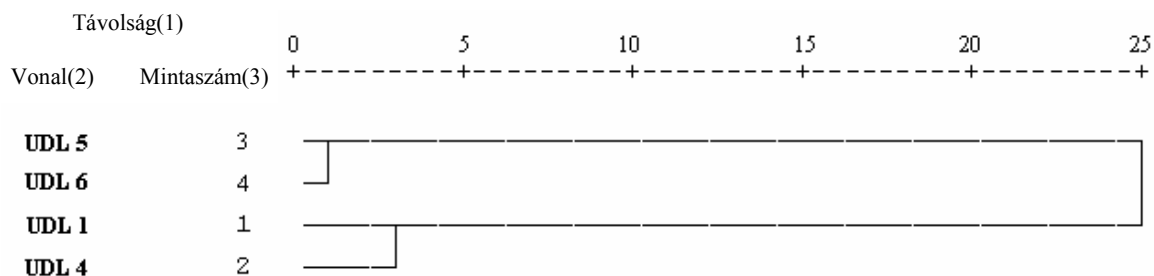


Figure 1: Dendrogram obtained from cluster analysis based on the morphological descriptions (DUS) of four maize inbred lines Distance(1), Line(2), Assay number(3)

A genetikai hasonlóság és távolság becslése AFLP analízis alapján

Az AFLP analízist 3 primerrel végeztük. Mindhárom adott megbízható, ismételt reakciókban reprodukálható PCR-fragmentum mintázatot. A 3 AFLP primer kombináció összesen 208 amplifikált, ebből 70 polimorf AFLP sávot eredményezett (4. táblázat).

A további statisztikai kiértékelést ezen adatok alapján végeztük.

A vizsgált négy kukoricavonal között a legnagyobb hasonlóságot (74%) az UDL 5 és az UDL 6 vonalak, a legkisebbet az UDL 6 és az UDL 1 (38,5%) vonalak mutatták (5. táblázat).

EREDMÉNYEK, KÖVETKEZTETÉSEK

A genetikai diverzitás vizsgálatát a négy beltenyésztett vonal esetében növényi szinten a morfológiai leírásokkal kapott eredmények alapján, másrészt DNS-szinten PCR-technikára (AFLP) alapozott eljárással végeztük.

A morfológiai tulajdonságok elemzése

A morfológia felvételezések a kukorica egész tenyészedőszakában zajlanak, így a környezeti tényezők nagy befolyással vannak az elért eredményekre. Smith és Smith (1989) szerint az előbbiek miatt nem felelnek meg a genetikai távolság becslésére vonatkozó feltételeknek.

Veress és Matók (1999) ellenben más vizsgálatok, pl. izoenzim-analízis kiegészítésével előnyös leírási módnak tartja a fajták közötti hasonlóság kimutatására.

Az CPVO TP/2/2 vizsgálati irányelv alapján 28 vizsgált tulajdonság felvételezésével készítettük az 1. ábrán látható dendogramot. Vizsgálatunkban a beltenyésztett vonalak közötti hasonlóság alapján két csoportot különítettünk el. Az UDL 5 és UDL 6 vonal esetében szoros kapcsolatot állapítottunk meg, míg a másik csoport tagjai között (UDL 1 és UDL 4 vonalaknál) már nagyobb genetikai távolság becsülhető (1. ábra).

4. táblázat

A négy beltenyésztett vonalnál alkalmazott 3 primer kombináció polimorfizmusának foka

Primer kombinációk(1)	A detektált sávok száma összesen(2)	A polimorf sávok száma(3)
MseI1-EcoRI	128	44
MseI2-EcoRI	38	7
MseI3-EcoRI	42	19
Átlag(4)	69	23

Table 4: Degree of polymorphism for three AFLP primer combinations applied to four inbred lines

Primer combination(1), Total number of bands(2), Number of polymorphic bands(3), Mean(4)

5. táblázat

A négy beltenyésztett vonal Jaccard index alapján képzett hasonlósági koeffiense

Vonal(1)	Jaccard index			
	UDL 1	UDL 4	UDL 6	UDL 5
UDL 1	1,000			
UDL 4	,430	1,000		
UDL 6	,385	,648	1,000	
UDL 5	,455	,676	,740	1,000

Table 5: Genetic similarity among four maize inbred lines based on Jaccard index

Line(1)

A Jaccard index értékhatárai 0 és 1 közé esnek, vagyis a teljes azonosság jelenti az egyest, a teljes különbözőség pedig a nullát (Hajós, 1999). A Jaccard indexből levezetett és képzett genetikai távolság esetében szintén a legnagyobb genetikai távolságot a 4. táblázatban foglaltak szerint az UDL 6 és az UDL 1 vonalak mutatták (78-as értékkel) (6. táblázat), a legkisebb genetikai távolságot pedig az UDL 5 illetve az UDL 6 vonalak.

A dendrogramon jól láthatóan 2 rokonsági csoportot tudunk kialakítani a négy beltenyésztett vonal esetében. Az első csoportba az UDL 1 vonal, a második csoportba az UDL 4 vonal, az UDL 5 és az UDL 6 vonalak tartoznak. Az 5. táblázat adatai alapján viszont megállapítható, hogy az UDL 4, az

UDL 5 és az UDL 6 vonalak féltestvéri kapcsolatban állnak egymással, közöttük a rokonsági viszony szorosnak tekinthető.

6. táblázat

A négy beltenyésztett vonal Jaccard index alapján képzett hasonlósági együtthatóból levezetett távolság

Vonal(1)	Távolság(2)			
	UDL 1	UDL 4	UDL 6	UDL 5
UDL 1	-			
UDL 4	,75	-		
UDL 6	,78	,59	-	
UDL 5	,74	,57	,51	-

Table 6: Distance among four maize inbred lines based on Jaccard index

Line(1), Distance(2)

A szakirodalmi adatokkal megegyezően, ha összehasonlítjuk az 1. és 2. ábrát, szembevetve az UDL 1 és UDL 4 vonalak elhelyezkedése. Míg a környezeti tényezők által nagy befolyású morfológiai leírásra alapozott dendrogramon az UDL 5 és az UDL 6, illetve az UDL 1 és az UDL 4 mutatott szoros rokonsági kapcsolatot, addig a környezeti tényezőkre nem érzékeny, kiemelkedően jó reprodukálhatósági képességű (Nagy, 1999) AFLP technikával két rokonsági kört (I. UDL 1; II. UDL 4, UDL 5, UDL 6) lehetett kialakítani.

2. ábra: A négy beltenyésztett vonal AFLP mintázata alapján végzett cluster analízis dendrogramja

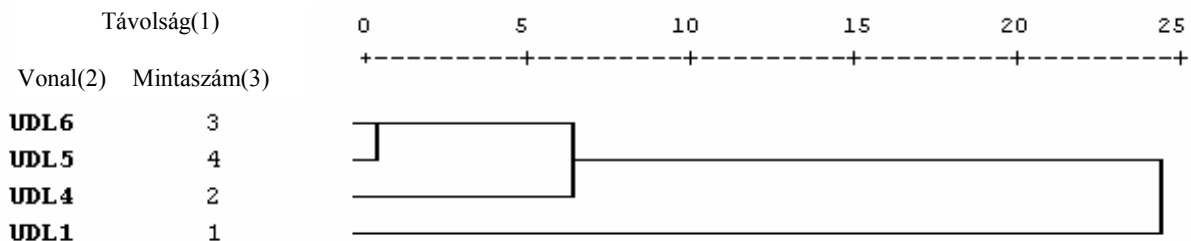


Figure 2: Dendrogram obtained from cluster analysis based on the AFLP amplification patterns of four maize inbred lines

Distance(1), Line(2), Assay number(3)

A négy beltenyésztett vonal egyenes és reciprok keresztezéseiből létrehozott teljes diallél rendszer termésátlagait összehasonlítva a rokonsági körökbe való besorolás és a genetikai távolságok ismeretében az UDL 1 és az UDL 6 egymásközi keresztezésnél lehet a legmagasabb heterózis hatással számolni, míg a legalacsonyabbal az UDL 5 és az UDL 6 vonalak keresztezése nyújtják.

A terméseredmény és heterózishatás értékelése

Megvizsgálva a 2004-es és 2005-ös év terméseredményét, az előző bekezdésben megbecsült

kereszteзések tekintetében az UDL 1 vonal kereszteзése mindkét évben kiemelkedő teljesítményt nyújtottak. Az UDL 1 beltenyésztett vonal anyai kereszteзési partnerként felhasználva az UDL 6-tal alkotott kiváló hibridkombinációt. Az UDL 5 és UDL 6 vonalaknak az UDL 1 partnerrel létrehozott kombinációkban jelentős mértékű reciprokhatást figyelhetünk meg mindkét vizsgált évben. A heterózishatást tekintve a hibridek a 2004 és 2005-ös tenyészévben pozitív over-dominanciát mutattak, azaz termésátlaguk mindkét szülő termésátlagát felülmúlta (7. táblázat).

A heterózis mértéke a vizsgált két év (2004 és 2005) terméseredményei alapján

Tulajdonság(1)	Anyai SC(2)	Apai SC(3)	Szülők átlag (P)(4)	Hibrid(5)	Hibrid (F ₁)(6)	F ₁ -P(7)	A heterózis típusa(8)
Terméseredmény 2004 (t/ha)(9)	2,05	1,84	1,95	UDH1	8,90*	6,95	+OD(11)
	2,05	1,29	1,67	UDH2	7,82*	6,15	+OD(11)
	2,05	1,93	1,99	UDH3	10,41*	8,42	+OD(11)
	1,84	2,05	1,95	UDH4	4,00*	2,05	+OD(11)
	1,84	1,29	1,57	UDH5	2,70*	1,13	+OD(11)
	1,84	1,93	1,89	UDH6	5,11*	3,22	+OD(11)
	1,29	2,05	1,67	UDH7	8,21*	6,54	+OD(11)
	1,29	1,84	1,57	UDH8	6,13*	4,56	+OD(11)
	1,29	1,93	1,61	UDH9	7,02*	5,41	+OD(11)
	1,93	2,05	1,99	UDH10	8,60*	6,61	+OD(11)
	1,93	1,84	1,89	UDH11	6,55*	4,66	+OD(11)
	1,93	1,29	1,61	UDH12	5,90*	4,29	+OD(11)
Terméseredmény 2005 (t/ha)(10)	1,94	1,62	1,78	UDH1	8,01**	6,23	+OD(11)
	1,94	1,65	1,80	UDH2	7,60**	5,80	+OD(11)
	1,94	1,61	1,78	UDH3	8,97**	7,19	+OD(11)
	1,62	1,94	1,78	UDH4	6,47**	4,69	+OD(11)
	1,62	1,65	1,64	UDH5	6,30**	4,66	+OD(11)
	1,62	1,61	1,62	UDH6	6,23**	4,61	+OD(11)
	1,65	1,94	1,80	UDH7	9,59**	7,79	+OD(11)
	1,65	1,62	1,64	UDH8	6,97**	5,33	+OD(11)
	1,65	1,61	1,63	UDH9	5,92**	4,29	+OD(11)
	1,61	1,94	1,78	UDH10	9,90**	8,12	+OD(11)
	1,61	1,62	1,62	UDH11	6,44**	4,82	+OD(11)
	1,61	1,65	1,63	UDH12	5,69**	4,06	+OD(11)

*SzD_{5%}(12)= 1,23, ** SzD_{5%}(12)= 0,98

Table 7: Degree of heterosis based on yield ability of two years (2004, 2005)

Trait(1), Value of Male line(2), Value of Female line(3), Mean of Values of Male and Female lines(4), Hybrid(5), Hybrid performance(6), F₁-P(7), Type of heterosis(8), Yield 2004 (t/ha)(9), Yield 2005 (t/ha)(10), Over-dominance(11), LSD_{5%}(12)

Eredményeink alapján megállapíthatjuk, hogy a vonalak közötti polimorfizmus vizsgálatában az általunk fenotípusos és DNS-szinten alkalmazott módszer jól kiegészíti egymást. Sikeresült polimorfizmust kimutatnunk mindkét módszer szerint a négy beltenyésztett vonal esetében. A vizsgálatunk alapján rokonsági körökbe lehet besorolni ezen vonalakat. A rokonsági körök,

genetikai távolságok ismeretében az UDL 1 vonal egyenes és reciprok keresztezései mutattak jelentős heterózishatást, melyet a terméseredmények alapján készített heterózis számítás is alátámasztott. A jövőben a pontosabb genetikai távolság becslését több primer felhasználásával és fehérjeszintű (tartalékfehérje) polimorfizmus detektálásával szeretnénk pontosítani.

IRODALOM

Ajmone-Marsan, P.-Castiglioni, P.-Fusari, F.-Kuiper, M.-Motto, M. (1998): Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.*, 96:219-227.

Ajmone-Marsan, P.-Gorni, C.-Chittó, A.-Redaelli, R.-Van Wijk, R.-Stam, P.-Motto, M. (2001): Identification of QTLs for grain yield and grain-related traits of maize (*Zea mays* L.) using an AFLP map, different tester, and cofactor analysis. *Theor. Appl. Genet.*, 102:230-243.

Anonymous (2004): Prospect for use of induced mutagenesis methods for plant breeding in Vietnam. <http://www.agroviet.gov.vn/en/stories/TinTiengAnh/AITraitsOfMorphology.asp>

Bódi, Z.-Tóth, Sz. (2005): Importance of genetic diversity in sustainable maize breeding. Sustainable agriculture across borders in Europa. Nemzetközi Tudományos Konferencia, Debrecen-Oradea. 119-121.

Csizmadia L. (2001): Diállél keresztezés. In: Növénygenetika (Szerk.: Velich I.) Mezőgazda Kiadó, Budapest, 205.

Hajósne Novák M. (1999): Genetikai variabilitás a növénynemesítésben. Molekuláris diagnosztika. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 128.

Hajósne Novák, M.-Dallmann G.-Nagy H.A. (1996): A genetikai variabilitás vizsgálata W 117 S₁₈ tetraploid kukorica vonalakban. *Növénytermelés*, 45:325-326.

Li, X.-Zhang, Y. (2002): Reverse genetics by fast neutron mutagenesis in higher plants. *Funct. Integr. Genomics* 2:254-258.

Lübberstedt, T.-Melchinger, A.E.-Dußle, C.-Vuylsteke, M.-Kuiper, M. (2000): Relationships among early European maize inbreds. *Crop Sci.*, 40:783-791.

- Maluszynski, M.-Nichterlein, K.-Zanten Van, L.-Ahloowalia, B.S. (2000): Officially released mutant varieties-The FAO/IAEA database. *Mutation Breeding Review*, 12: 1-82.
- Maráz A-né-Pepó P.-Tóth Sz. (1993): Kukoricavonalak és populációk variabilitásának növelése mutációs úton. *Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest*, 63.
- Messmer, M.M.-Melchinger, A.E.-Boppenmaier, J.-Bruncklaus-Jung, E.-Herrmann, R. (1992): Relationships among early European maize inbreds: I. Genetic diversity among flint and dent lines revealed by RFLPs. *Crop. Sci.*, 32:1301-1309.
- Messmer, M.M.-Melchinger, A.E.-Herrmann, R.-Boppenmaier, J. (1993): Relationships among early European maize inbreds: II. Comparison of pedigree and RFLP data. *Crop. Sci.*, 33:944-950.
- Nagy E.-Gyulai G.-Marton L.Cs. (2000): Kukorica beltenyésztett törzsek jellemzése genetikai markerekkel. *Növénytermelés*, 49:587-597.
- Nagy, E.-Gyulai, G.-Szabó, Z.-Hegyi, Z.-Marton, Cs.L. (2003): Application of morphological descriptions and genetic markers to analyse polymorphism and genetic relationships in maize (*Zea mays* L.). *Acta Agron. Hungarica*, 51:257-265.
- Nagy I. (1999): Továbbfejlesztett PCR-alapú polimorfizmus-vizsgálati technikák. *Növénytermelés*, 48:421-434.
- Oliveira, K.M.-Laborda, P.R.-Garcia, A.A.F.-Zagatto Paterniani, M.E.A.G.-Souza, A.P. (2004): Evaluating genetic relationships between tropical maize inbred lines by means of AFLP profiling. *Hereditas*, 140: 24-33.
- Pejic, I.-Ajmone-Marsan, P.-Morgante, M.-Kozumplick, V.-Castiglioni, P.-Taramino, G.-Motto, M. (1998): Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs. *Theor. Appl. Genet.*, 97:1248-1255.
- Pepó, Pá. (2005): Comparison of RAPD and AFLP analysis in some maize (*Zea mays* L.) lines and hybrids. *Journal of Agricultural Sciences, Debrecen*. in press
- Pepó Pá.-Tóth Sz. (2004): Kukoricagénbank előállítása mutációval. *Növénytermelés*, 53:253-262.
- Rady F.-Nagy M. (1996): A genetikai azonosság és a genetikai különbözőség helyzete a hibridkukorica vetőmagtermesztésében. *Növénytermelés*, 45:399-403.
- Smith, J.S.C.-Smith, O.S. (1989): The description and assessment of distances between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. *Maydica*, 34:141-150.
- Veress Z.-Matók Gy. (1999): Hasonlósági csoportok a DUS-fajta leírások alapján. *Növénytermelés*, 48. 1:43:53.7
- Vos, P.-Hogers, R.-Bleeker, M.-Reijans, M.-van de Lee, T.-Hornes, M.-Frijters, A.-Pot, J.-Peleman, J.-Kuiper, M.-Zabeau, M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.*, 23:4407-4414.
- Zubor Á.-Surányi Gy.-Prokisch J.-Győri Z.-Borbély Gy. (2003): AFLP módszer alkalmazása növényi minták azonosításához. *Agrártudományi Közlemények, Debrecen*. 10:207-213.