

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku

Sveučilište u Dubrovniku

Institut Ruđer Bošković

Poslijediplomski interdisciplinarni sveučilišni studij

Molekularne bioznanosti

Vlatko Galić

**ANALIZA LOKUSA KVANTITATIVNIH SVOJSTAVA I GENOMSKA SELEKCIJA ZA PRINOS
ZRNA U TESTKRIŽANCIMA IBM*Syn4* POPULACIJE KUKURUZA**

Doktorska disertacija

Osijek, 2018.

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku

Sveučilište u Dubrovniku

Institut Ruđer Bošković

Poslijediplomski interdisciplinarni sveučilišni studij

Molekularne bioznanosti

Vlatko Galić

**ANALIZA LOKUSA KVANTITATIVNIH SVOJSTAVA I GENOMSKA SELEKCIJA ZA PRINOS
ZRNA U TESTKRIŽANCIMA IBM*Syn4* POPULACIJE KUKURUZA**

**Doktorska disertacija predložena je Sveučilišnom Vijeću za poslijediplomske studije u
svrhu stjecanja akademskog stupnja doktora znanosti na Poslijediplomskom
interdisciplinarnom sveučilišnom studiju Molekularne bioznanosti – modul
biologija biljaka**

Osijek, 2018.

Doktorska disertacija izrađena je na Odjelu za oplemenjivanje i genetiku kukuruza Poljoprivrednog instituta Osijek pod vodstvom dr.sc. Domagoja Šimića. Istraživanja su financirana projektom Hrvatske zaklade za znanost „Genetika i fiziologija tolerancije na višestruki stres kod kukuruza“ voditelja dr.sc. Domagoja Šimića.

TEMELJNA DOKUMENTACIJSKA KARTICA

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku
Sveučilište u Dubrovniku
Institut Ruđer Bošković
Poslijediplomski interdisciplinarni sveučilišni
studij Molekularne bioznanosti

Doktorska disertacija

Znanstveno područje: Interdisciplinarno područje znanosti
Znanstvena polja: Biologija, Poljoprivreda

Analiza lokusa kvantitativnih svojstava i genomska selekcija za prinos zrna u testkrižancima IBMSyn4 populacije kukuruza Vlatko Galić

Disertacija je izrađena u: Odjel za oplemenjivanje i genetiku kukuruza, Poljoprivredni institut Osijek
Mentor: izv.prof.dr.sc. Domagoj Šimić, znanstveni savjetnik, Odjel za oplemenjivanje i genetiku kukuruza, Poljoprivredni institut Osijek

Kratki sažetak doktorske disertacije:

Istražena je uporaba genomskih predviđanja prije QTL analize za udio oklaska u ukupnom prinosu, udio vode u zrnu i prinos zrna u testkrižancima biparentalne populacije kukuruza. Kompleksna kvantitativna svojstva su pod snažnim utjecajem nekontroliranih čimbenika koji uzrokuju šum u podacima i tako smanjuju mogućnost detekcije lokusa. Postavljena je hipoteza da će ograničavanje varijance fenotipa samo na varijancu realiziranih genetskih veza povećati mogućnost detekcije lokusa. Ostvareni rezultati pokazali su da provedba genomskih predviđanja prije QTL analize može imati značajnu uporabnu vrijednost u oplemenjivanju kukuruza za toleranciju na stres, jer je u usporedbi s kartiranjem korištenjem opaženih podataka detektiran velik broj relevantnih, stabilnih lokusa.

Broj stranica: 161

Broj slika: 3

Broj tablica: 15

Broj literaturnih navoda: 143

Jezik izvornika: Hrvatski

Ključne riječi: QTL analiza, genomska selekcija, kukuruz, biparentalna populacija, rrBLUP

Datum obrane: 16. ožujka 2018.

Stručno povjerenstvo za obranu:

1, izv.prof.dr.sc. **Sonja Petrović**, izvanredna profesorica, Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Poljoprivredni fakultet u Osijeku, predsjednica povjerenstva

2, izv.prof.dr.sc. **Andrijana Rebekić**, izvanredna profesorica, Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Poljoprivredni fakultet u Osijeku, član

3, prof.dr.sc. **Vera Cesar**, redovita profesorica, Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, član

4, doc.dr.sc. **Miroslav Lisjak**, docent, Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Poljoprivredni fakultet u Osijeku, zamjena člana

Disertacija je pohranjena u: Nacionalnoj i sveučilišnoj knjižnici Zagreb, Ul. Hrvatske bratske zajednice 4, Zagreb; Gradskoj i sveučilišnoj knjižnici Osijek, Europska avenija 24, Osijek; Sveučilištu Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Trg sv. Trojstva 3, Osijek

BASIC DOCUMENTATION CARD

Josip Juraj Strossmayer University of Osijek
University of Dubrovnik
Ruđer Bošković Institute
University Postgraduate Interdisciplinary Doctoral Study of
Molecular biosciences

PhD thesis

Scientific Area: Interdisciplinary Area of Science
Scientific Fields: Biology, Agriculture

**Quantitative trait loci analysis and genomewide selection for grain yield in testcrosses of maize
IBMSyn4 population**
Vlatko Galić

Thesis performed at: Department of maize breeding and genetics, Agricultural Institute Osijek
Supervisor/s: Domagoj Šimić, PhD, Associate Professor, Department of maize breeding and genetics,
Agricultural Institute Osijek

Short abstract:

Use of genomewide predictions prior to QTL mapping for cob share in total ear yield, grain moisture, and grain yield in testcrosses of maize biparental population was investigated. Complex quantitative traits are heavily influenced by random factors, which generate noise in data limiting the power of QTL detection. We hypothesized that limiting phenotypic variance only to variance of realized genetic relations would increase the power of QTL detection in testcrosses. Our results indicate that using genomewide predictions prior to QTL mapping might be very useful in practical maize breeding, especially in breeding for stress tolerance, as many relevant, stable QTL were detected compared to regular QTL mapping procedure in raw data.

Number of pages: 161

Number of figures: 3

Number of tables: 15

Number of references: 143

Original in: Croatian

Key words: QTL analysis, genomewide selection, maize, biparental population, rrBLUP

Date of the thesis defense: March 16, 2018.

Reviewers:

- 1, **Sonja Petrović**, PhD, Associate Professor, Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agriculture in Osijek, commission president
- 2, **Andrijana Rebekić**, PhD, Associate Professor, Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agriculture in Osijek, member
- 3, **Vera Cesar**, PhD, Full Professor, Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, member
- 4, **Miroslav Lisjak**, PhD, Associate Professor, Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Agriculture in Osijek, member substitute

Thesis deposited in: National and University Library in Zagreb, Ul. Hrvatske bratske zajednice 4, Zagreb; City and University Library of Osijek, Europska avenija 24, Osijek; Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Trg sv. Trojstva 3, Osijek

Ovu disertaciju posvećujem svojim roditeljima: voljenoj mami Dušici koja nas je prerano napustila i tati Nikoli čija me ljubav i brižnost zauvijek zadužila.

- Vlatko Galić

Sadržaj

1. Uvod.....	1
1.1. Oplemenjivanje kukuruza.....	1
1.2. QTL analiza	2
1.3. Genomska selekcija	10
1.4. QTL kartiranje u rrBLUP predviđenom fenotipu.....	12
2. Ciljevi i hipoteze istraživanja.....	15
3. Materijali i metode.....	16
3.1. Biljni materijal	16
3.2. Dizajn pokusa	16
3.3. Agroklimatološki podatci	17
3.4. Molekularni markeri	17
3.5. Prikupljanje fenotipskih podataka	18
3.6. Kvantitativno-genetička analiza	19
3.7. Genomska predviđanja	19
3.8. QTL analiza	20
4. Rezultati.....	22
4.1. Meteorološki i agronomski podatci	22
4.2. Genomska predviđanja	25
4.3. QTL analiza	31
4.3.1. QTL analiza korištenjem seta ulaznih podataka s opaženim vrijednostima (set 1).....	32
4.3.2. QTL analiza sa setom podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima genotipova bez opaženih podataka o fenotipu (set 2).....	35
4.3.3. QTL analiza korištenjem združenih setova podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima genotipova bez opaženih podataka o fenotipu i vrijednostima genotipova koji su praćeni u polju (set 3).....	39

4.3.4. QTL analiza sa setom podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima svih genotipova s dostupnim podacima genotipizacije (set 4)	41
4.3.5. Pozicije i LOD vrijednosti pojedinih lokusa detektiranih korištenjem seta podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima svih genotipova s dostupnim podacima genotipizacije (set 4)	47
4.3.6. Uočavanje lokusa za udio oklaska u ukupnom prinosu kroz okoline	63
4.3.7. Uočavanje lokusa za udio vode u zrnu kroz okoline	64
4.3.8. Uočavanje lokusa za prinos zrna kroz okoline	65
5. Rasprava.....	66
5.1. Meteorološki i agronomski podatci	66
5.2. Genomska predviđanja	67
5.3. QTL analiza	69
5.3.1. Lokusi za udio oklaska detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina	70
5.3.2. Lokusi za udio vode u zrnu detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina.....	72
5.3.3. Lokusi za prinos zrna detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina.....	74
5.4. Implikacije ostvarenih rezultata na praktično oplemenjivanje kukuruza	75
6. Zaključci	77
7. Literatura.....	78
8. Sažetak	93
9. Summary	94
PRILOZI.....	95
Prilog 1. R programska skripta za izračun genomskih predviđanja i procjenu njihove točnosti	95
Prilog 2. Ispis (<i>output</i>) izračuna iz R/qtl programske knjižnice pojedinačnih i kombiniranih analiza varijance svih detektiranih lokusa iz Tablice 13	99
Prilog 2.1. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za udio oklaska.....	99
Prilog 2.2. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za udio vode u zrnu	117

Prilog 2.3. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za prinos zrna	138
Životopis i popis publikacija	158

1. Uvod

Kukuruz (*Zea mays* ssp. *mays* L.) je jednogodišnja jednodomna biljna vrsta iz porodice *Poaceae*. Kukuruz je vrlo važna poljoprivredna kultura s doprinosom svjetskoj poljoprivrednoj proizvodnji mjerenim u milijardama dolara na godišnjoj razini (Bennetzen i Hake, 2009). Osim primarne namjene kukuruza za prehranu ljudi i hranidbu stoke, kukuruz je kultura iznimne važnosti za industrijsku preradu i dobivanje bio-goriva fermentacijom ligninskih tvoriva (Courtial i sur., 2014). Također, kukuruz je jedna od prvih biljnih vrsta korištena kao model organizam za genetička istraživanja. Najznačajnija otkrića univerzalnih eukariotskih svojstava za koja je korišten kukuruz kao model biljka uključuju: mapu vezanosti gena (Emmerson i sur. 1935), transpozone (McClintock, 1951, 1953), regije DNA zadužene za organizaciju i tvorbu jezgrice (McClintock, 1934), telomere (McClintock, 1941) te epigenetsku regulaciju djelovanja gena (McClintock, 1965).

1.1. Oplemenjivanje kukuruza

Oplemenjivanje kukuruza je proces ciljanog povećavanja frekvencije poželjnih alela, koji utječu na kvantitativna svojstva pod kontrolom nepoznatog broja gena u interakciji s poželjnim okolinama, a glavno svojstvo od interesa je prinos zrna (Hallauer i sur., 2010). Učinkovitost oplemenjivanja kukuruza i ostalih biljnih vrsta povećana je tijekom 20. stoljeća nakon ponovnog otkrivanja Mendelove genetike, razvoja novih statističkih koncepata i definiranja važnosti randomizacije i replikacije, kvantitativnog odvajanja genetskih i okolinskih čimbenika koji utječu na fenotip, te konačno razvoja principa kvantitativne genetike i sofisticiranih metoda selekcije poput rekurentne selekcije i introgresije (Dekkers i Hospital, 2002). Porast prosječnog prinosa zrna kukuruza na svjetskoj razini od početka 20. stoljeća do 2005. godine iznosio je približno 500%. Procjenjuje se da je 40 do 50% tog napretka ostvareno je zahvaljujući poboljšanjima u agrotehničkoj praksi i tehnologiji, dok su za 50 do 60% zaslužna genetska poboljšanja kultivara korištenjem metoda kvantitativne genetike i početak korištenja hibrida dvaju ili više inbred linija s čime je započeto ivrijednostištavanje hibridnog vigora ili heterozisa (Duvick, 2005). Fenotip biljke je ukupnost genetskih i okolišnih čimbenika koji utječu na njegov razvoj, pa je stoga njegova niska heritabilnost osnovni čimbenik koji smanjuje učinkovitost oplemenjivačkog procesa. Molekularni markeri predstavljaju funkcionalne ili nefunkcionalne fragmente DNA koji

se često razlikuju između jedinki. Na temelju svojstava rekombinacije DNA, za molekularne markere je moguće odrediti pripadnost grupi vezanosti (kromosom), te smještaj unutar grupe u odnosu na druge markere (Helenjantaris i sur., 1986). Visoka heritabilnost molekularnih markera omogućila je kartiranje lokusa povezanih s pojedinim kvantitativnim fenotipskim svojstvima korištenjem metode linearne regresije (Lander i Botstein, 1989) čime je započeta nova era oplemenjivanja bilja te su postavljene teorijske osnove za početak razvoja selekcije potpomognute markerima (MAS, eng. *Marker Assisted Selection*) i povećanje učinkovitosti oplemenjivačkog procesa (Lande i Thompson, 1990).

1.2. QTL analiza

Analiza lokusa kvantitativnih svojstava (QTL, eng. *Quantitative Trait Loci*) zasniva se na poznavanju neravnoteže vezanosti, LD (eng. *Linkage Disequilibrium*) između molekularnih markera koji se nalaze na istim kromosomima. Osnovna pretpostavka za provedbu QTL analize je generiranje neravnoteže vezanosti križanjem u srodstvu tj. inbridingom, te križanje inbred linija koja se razlikuju u svojstvu koje se želi analizirati. F₁ generacija križanaca je heterozigotna za alele koji utječu na svojstvo od interesa, pa se kartiranje lokusa provodi u F₂ ili daljim generacijama. Nakon genotipizacije provodi se analiza rekombinacije (c) između pojedinih genetskih markera, te se prema ostvarenim vrijednostima izračunavaju njihove relativne udaljenosti izražene u centimorganima (cM). Podacima o rekombinaciji i ostvarenim vrijednostima markera na pojedinom lokusu preformuliranim u binarne vrijednosti ovisno o donoru alela (1 = roditelj A, -1 = roditelj B, 0 = heterozigot za lokus i) pridružuju se fenotipski podatci, te se varijanca ispitivanog svojstva povezuje sa vrijednostima markera korištenjem jednostruke linearne regresije za svaki pojedinačni lokus. Opisana procedura naziva se marker regresija (Hedrick, 2005). Tradicionalni način marker regresije (Soller i sur., 1979) analizom varijance za svaki pojedini marker posjeduje neka ograničenja, zbog kojih je razvijen tada alternativni, danas generalno prihvaćeni način QTL analize, intervalno kartiranje (eng. *interval mapping*). Osnovna pretpostavka metode intervalnog kartiranja je da su fenotip ϕ_i i genotip g_i iste jedinke povezani prema formuli:

$$\phi_i = a + bg_i + \varepsilon$$

gdje su parametri a i b nepoznati, g_i genotip na lokusu, a ε je slučajna varijabla sa srednjom vrijednosti 0 i varijancom σ^2 . U opisanom slučaju b predstavlja procjenu utjecaja na fenotip supstitucije A alela B alelom na lokusu. Rješenje ove linearne jednadžbe su procjene maksimalne izglednosti za \hat{a} , \hat{b} i $\hat{\sigma}^2$ koje predstavljaju izglednost $L(a, b, \sigma^2)$ za uočavanje ostvarenih podataka na temelju gustoće vjerojatnosti za normalnu distribuciju. Procjena maksimalne izglednosti podrazumijeva usporedbu vrijednosti procijenjenih na temelju ostvarenog fenotipa s procijenjenim vrijednostima kada je $b = 0$, Ove simulirane procjene predstavljaju $(\mu_A, 0, \mu_B)$, a dokaz za postojanje QTL-a na nekom lokusu ili paru lokusa izražava se LOD vrijednosti (eng. *Likelihood of Odds*), tj. odnosa izglednosti prisustva QTL-a i izglednosti njegovoga odsutstva:

$$\text{LOD} = \log_{10}(L(\hat{a}, \hat{b}, \hat{\sigma}^2)/L(\hat{\mu}_A, 0, \hat{\sigma}_B^2))$$

$\hat{\sigma}_B^2$ predstavlja procijenjenu varijancu simulirane populacije koja nosi samo B alel. Kod dovoljno velike populacije asimptotska aproksimacija distribucije LOD vrijednostova je $1/2(\log_{10} e)\chi^2$ gdje χ^2 predstavlja χ^2 distribuciju s jednim stupnjem slobode (Lander i Botstein, 1989).

Metoda intervalnog kartiranja predstavlja sofisticiran i precizan način QTL analize, no njen glavni nedostatak je složeno izračunavanje. S ciljem otklanjanja tog nedostatka Haley i Knott (1992) razvili su efikasnu metodu izračunavanja koja se nije zasnivala na izravnoj procjeni maksimalne izglednosti, nego na prirodnom logaritmu kvocijenta reziduala reduciranog modela (bez varijance pridružene QTL genotipu) i punog modela (ukupni rezidual) pomnoženog s logaritmom baze e broja jedinki kod kojih je QTL genotip za lokus detektiran:

$$\text{test omjera izglednosti} = n \log_e \left(\frac{\text{RSS}_{\text{reducirani}}}{\text{RSS}_{\text{puni}}} \right)$$

Ova metoda daje slične rezultate kao i intervalno kartiranje uz višestruko efikasnije izračunavanje, te omogućuje analize interakcija između detektiranih lokusa, kao i proširenje broja stupnjeva slobode. Najznačajnije ograničenje ove metode u usporedbi s intervalnim kartiranjem je loša izvedba u slučaju epistatičnog učinka gena. Proširenje Haley-Knott metode regresije dali su Feenstra i sur. (2006). Uvođenjem novih jednadžbi procjene i orijentacijom na algebru matrica zadržana je brzina izračunavanja, a dodana robustnost u izračunu kod različitih načina djelovanja gena. Proširena Haley-Knott regresija daje rezultate gotovo identične intervalnom kartiranju.

Statistička značajnost svih navedenih metoda analize procjenjuje se prema asimptotskoj aproksimaciji χ^2 distribucije, premda uvjeti za ostvarenje χ^2 distribucije testova omjera izglednosti često nisu zadovoljeni zbog nemogućnosti odabira točne nulte hipoteze (nepoznato stanje QTLa za lokus). Također, asimptotske aproksimacije mogu biti narušene ograničenom veličinom ispitivane populacije, te neodgovarajućom distribucijom ispitivanog kvantitativnog svojstva (Knott i Haley, 1992). S ciljem rješavanja ovog problema, Zeng (1994) razvija novu metodu QTL kartiranja koja na svakom ispitivanom lokusu primjenjuje metodu intervalnog kartiranja uz višestruku regresiju u kojoj kao slučajne varijable (kofaktore) koristi druge markere. Višestruka regresija tako razlaže varijancu na interakcije između markera, te na varijancu koja je pod utjecajem markera koji se ispituje, te omogućava razlaganje gustoće distribucije i preciznije kartiranje QTL-ova. Premda je ova metoda ponudila djelomičnu korekciju za veličinu uzorka i gustoću genetske karte, problem aproksimacije asimptotske distribucije njome nije riješen. Opisana metoda nazvana je složeno intervalno kartiranje ili CIM (eng. *Composite Interval Mapping*).

Kako bi iz testa statističke značajnosti isključili asimptotsku aproksimaciju distribucije, autori Churchill i Doerge (1994) primjenili su Fisherov (Fisher, 1935) postupak permutiranja, tj. nasumičnog razmještanja podataka o markerima i pridruživanja nepripadajućim fenotipskim podacima kako bi pristupili nul-distribuciji LOD vrijednosti za ispitivano svojstvo. Ako je Y_i fenotipska vrijednost i te jedinice, Q_i je QTL genotip Q QTLa (1 = prisutan, 0 = odsutan) i M_i je genotip M markera na nekom lokusu (1 = alel markera prisutan, 0 = alel markera odsutan), funkcija gustoće za slučajnu varijablu (fenotip) za $Q_i = 0$ je $p_{Y|Q}(y, 0) = f(y)$, odnosno $p_{Y|Q}(y, 1) = f(y - \Delta)$ za $Q_i = 1$ i $\Delta > 0$. Ako je frekvencija rekombinacije r ($0 \leq r \leq \frac{1}{2}$), tada je gustoća distribucije za fenotip pod utjecajem markera vezanog uz lokus M mješavina gustoća distribucija jer je stvarno stanje QTL-a nepoznato (ispituje se posredno putem najbližeg dodirnog markera):

$$p_{Y|M}(y, m) = r^m(1 - r)^{1-m} f(y) + r^{1-m}(1 - r)^m f(y - \Delta)$$

Funkcija $f()$ pretpostavlja da se radi o normalnoj funkciji gustoće, pa stoga poredane vrijednosti dobivene permutiranjem izvornih podataka daju granične vrijednosti za željenu strogoću testa koja još ovisi i o broju provedenih permutacija. Ukoliko se provede test sa 1000 permutacija,

950, vrijednost u uređenom nizu predstavljala bi stoga graničnu vrijednost za $\alpha = 0,05$, Metoda permutacija primjenjuje se za sve opisane metode QTL analize i predstavlja jedinu relevantnu procjenu statističke značajnosti rezultata ostvarenih QTL analizom.

Programski jezik R sa sučeljem (R core team, 2016) predstavlja implementaciju S programskog jezika, svestranog alata za obradu podataka s C/C++/Fortran programskom sintaksom. R se temelji na konceptu otvorenog koda (eng. *Open Source*) i korisnici raznih portfelja stvaraju programske knjižnice za posebne namjene s relevantnom matematičkom pozadinom koja je transparentna i modularna zahvaljujući otvorenim repozitorijima s kodom i mogućnošću izravne manipulacije u sučelju. Broman i sur. (2003) započeli su razvoj R programske knjižnice *R/qlt* za QTL kartiranje u eksperimentalnim križanjima. Paket sadrži funkcije koje pozivaju sve opisane metode QTL analize i testova značajnosti kao i mnoge druge. Među najvažnijim statističkim metodama koje paket pruža je stupnjevita QTL regresija (eng. *stepwise regression*) koja testira modele s više povezanih QTL-ova pomoću metoda izbora unaprijed (eng. *forward selection*) (Gimelfarb i Lande, 1994) i eliminacije unazad (eng. *backward elimination*) (Jansen, 1993), te predstavlja sofisticiraniju metodu od CIM kartiranja jer koristi stvarne lokuse u regresiji. Algoritam koji provodi ovu analizu sastoji se od sljedećih koraka (Broman i Sen, 2009):

1. Kreni s analizom genoma pod pretpostavkom o postojanju jednog QTL-a (jedan stupanj slobode) i izaberi poziciju koja daje najvišu LOD vrijednost.
2. S modelom koji podrazumijeva detektirani QTL kao zavisnu varijablu:
 - a) Provedi analizu za još jedan QTL pod pretpostavkom aditivnog djelovanja.
 - b) Za svaki QTL u modelu provedi analizu za QTL koji je s njim u interakciji (ovisno o unosu).
 - c) Ukoliko je u modelu ≥ 2 QTL-a razmotri dodavanje neke od interakcija u model.
 - d) Proizvoljno provedi (ovisno o unosu) dvodimenzionalnu analizu s pretpostavkom dva QTL-a, bilo aditivna ili u interakciji
 - e) Odaberi model koji daje najvišu vrijednost kriterija za usporedbu modela na trenutnom koraku.
3. Ponovno razmotri lokacije QTL-a u trenutnom modelu.
4. Ponovi korake 2 i 3 dok se ne ostvari model koji opisuje sve lokuse s efektom značajnim pri zadanoj vrijednosti α .

5. Provedi eliminaciju unazad sve do nultog modela. Na svakom koraku razmotri izbacivanje jednog od glavnih efekata ili interakcija iz modela: pronađi model koji maksimizira kriterij za usporedbu modela među modelima koje razmatraš na ovom koraku. Uz ovo čini i pročišćavanje pozicija detektiranih QTL-ova.
6. Odaberi model s najvišom vrijednosti kriterija za usporedbu modela od svih ispitanih modela.

QTL analiza za svojstvo prinosa zrna kukuruza ima za osnovni cilj pronalazak lokusa koji povećavaju toleranciju na okolinski stres. Stresovi koji u najvećoj mjeri utječu na prinos kukuruza su suša i visoke temperature zraka do čije pojave najčešće dolazi istovremeno. Kombinacija ovih dvaju stresova ima izraženiji negativan učinak na stanje biljke u odnosu na njihovo pojedinačno djelovanje (Messmer i sur., 2009). Lobell i sur. (2014) istraživali su utjecaj spontanog povećanja učestalosti suše, te nedostatka tlaka pare (VPD, eng. *Vapor Pressure Deficit*) u saveznom američkim državama Srednjeg Zapada tijekom 18 godina na prinos soje i kukuruza, najzastupljenijih kultura tog proizvodnog kraja. Zaključeno je da se tolerancija uzgajanih kultivara na stres kroz godine nije povećala, što dovodi do nestabilnosti prinosa. Autori sugeriraju povećanje ulaganja sredstava s ciljem pronalaska kultivara tolerantnijih na abiotički stres. Korištenje molekularnih metoda za identifikaciju lokusa povezanih s odgovorom na sušni stres provodi se već preko dva desetljeća (Lebreton i sur., 1995, Agrama i Moussa, 1996), no implementacija molekularnog oplemenjivanja bilja u komercijalne oplemenjivačke programe započeta je tek prije jednog desetljeća (Eathington i sur., 2007). Molekularne metode oplemenjivanja bilja prepoznate su kao jedini nositelj poboljšanja kultivara u toleranciji na stres za 21. stoljeće. (Moose i Mumm, 2008).

Messmer i sur. (2009) proveli su QTL kartiranje za prinos i komponente prinosa, te sekundarna svojstva u populaciji rekombinantnih inbred linija (RIL) kukuruza dobivenih iz križanca dvije subtropske linije različite u pogledu tolerancije na sušu. Linije su genotipizirane sa 160 molekularnih markera (RFLP i SSR). Provedeno je sedam odvojenih pokusa s 236 linija i roditeljskim komponentama postavljenim kao rešetkasti alfa pokusni dizajn. Autori su utvrdili postojanje QTL-ova za prinos vezanih uz režim navodnjavanja (kromosomi 1, 3 i 5 u sušnim uvjetima, te 1 i 8 u navodnjavanim uvjetima). Zaključeno je da aktivacija pojedinih gena u sušnim uvjetima naglašava potrebu za provođenje oplemenjivanja u tim uvjetima kako bi se

omogućila fenotipizacija za detektirane lokuse. Peng i sur. (2011) proveli su QTL analizu i analizu stabilnosti QTL-ova za prinos i komponente prinosa u dvije populacije kukuruza u tri okoline kroz dvije godine. Premda je detektiran velik broj lokusa, pokazalo se da je njihova stabilnost kada se radi o prinosu vrlo mala, no za komponente prinosa poput gustoće, volumena i težine zrna vrlo visoka, za što autori daju dokaz kroz plejotropne lokuse na kromosomima 1, 4 i 9 detektirane u obje populacije i kroz sve okoline. Autori zaključuju da je za implementaciju MAS-a u oplemenjivanju za svojstvo prinosa potrebno detektirati i identificirati stabilne lokuse. Svojstva u istraživanju za koja su detektirani stabilni lokusi pokazala su vrlo niske do visoke genetske (0,33 – 0,62) i fenotipske (-0,03 – 0,58) koeficijente korelacije sa svojstvom prinosa, dok su heritabilnosti (h^2) za sva svojstva bile vrlo visoke (0,74 – 0,89). Navedeni podatci sugeriraju da bi se oplemenjivanjem za svojstva za koja su identificirani stabilni lokusi moglo provoditi relativno efikasno posredno oplemenjivanje za prinos u različitim okolinama. Teorijska učinkovitost posrednog oplemenjivanja za korelirana svojstva je $\frac{R_Y^C}{R_Y} = \frac{|r_A|h_X}{h_Y}$ gdje r_A predstavlja genetsku korelaciju za svojstva, h_X heritabilnost koreliranog svojstva, a h_Y heritabilnost svojstva za koje se provodi selekcija (Bernardo 2010).

Almeida i sur. (2013) proveli su meta-analizu lokusa za prinos i interval pojave svile i antera (ASI, eng. *Anthesis to Silk Interval*) identificiranih u tri populacije kukuruza uzgajane u tri okoline u navodnjavanom i nenavodnjavanom uvjetima. U istraživanju je detektiran veliki broj lokusa povezanih s prinosom (83) i ASI-jem (62), a u meta analizi su detektirani lokusi za prinos na kromosomima 1, 4, 5 i 10, Na kromosomu 7 detektiran je jedan meta QTL za koji autori smatraju da je adaptabilni lokus koji potiče toleranciju na sušni stres. Fizikalna regija na kojoj je ovaj QTL kartiran podudara se s fizikalnom pozicijom gena iz skupine *Glutation-S-transferaza* (*gst23*), a isti je gen već identificiran u drugim istraživanjima kao zaslužan za povećavanje tolerancije na stres (Li i sur. 2010, Hao i sur. 2011, Šimić i sur. 2014).

Oklasak kukuruza predstavlja celulozni skelet klipa na kojemu su usađena zrna. Udio oklasaka u ukupnom prinosu pokazuje negativnu korelaciju s prinosom zrna, no oklasak posjeduje visoku vrijednost kao sirovina za proizvodnju gorivih briketa (Wilaipon, 2007), etanola (Liming i Xueliang, 2004) i metana (Amon i sur., 2007). Upadyayula i sur. (2006) proveli su QTL analizu u populaciji kukuruza za svojstva arhitekture metlice i klipa u dvije okoline. Za ispitivano svojstvo mase oklasaka autori su utvrdili postojanje plejotropnog lokusa za svojstva razvoja cvati na 5,

kromosomu u području gdje je kartiran gen *tdl* (eng. *thick tassel dwarf-1*) koji povećava broj bočnih izbojaka. QTL na 7, kromosomu koji je također utjecao na svojstva mase oklaska i broj izbojaka kartiran je u području gdje se nalazi gen *ral* (*Ramosa1*) za koji je poznato da povećava broj cvjetnih osi metlice. Autori zaključuju da se njihova metoda QTL analize (CIM) pokazala uspješnom u preciznom kartiranju lokusa kvantitativnih svojstava. Jansen i sur. (2013) navode povećanu potrebu za sirovinom za dobivanje etanola kao glavni pokretač oplemenjivanja za masu i sastav oklaska. U istraživanju navedenih autora korištena je IBMSyn4 populacija kukuruza, uzgajana na dvije lokacije kroz dvije godine. Praćena svojstva bila su masa, duljina i gustoća oklaska, te udio drvenastog i plutastog parenhima u srži, udio vode i ukupni prinos zrna i oklaska. QTL analiza provedena je CIM metodom s deset kofaktora, a statistička značajnost određena je na temelju 1000 permutacija. U istraživanju je otkriveno 139 lokusa različite hierarhije u opisivanju tvorbe oklaska. QTL-ovi za gustoću i sastav srži oklaska na 7, kromosomu kartirani su u blizini gena *ral*, QTL za sadržaj drvenastog tkiva na kromosomu 8 kartiran je u blizini gena koji utječe na morfologiju metlice, dok su QTL-ovi za sadržaj drvenastog tkiva i gustoću oklaska kartirani na 2, kromosomu u blizini gena *ba2* (eng. *barren stalk-2*) koji uzrokuje pojavu stabljike bez klipova. Autori sugeriraju provedbu studije s transformacijom biljaka druge genetske osnove unošenjem identificiranih gena koji su detektirani i u drugim istraživanjima (Upadyayula i sur., 2006). Zaključeno je da su svojstva oklaska pogodna za provedbu genomske selekcije. Iste lokuse identificirali su i Zhang i sur. (2015) u istraživanju utjecaja slabe gnojidbe dušikom na QTL-ove za masu, duljinu, volumen i gustoću oklaska, te prinos zrna u IBMSyn10 populaciji kukuruza. Autori su genotipizirali linije SNP markerima i detektirani su QTL-ove u blizini gena *ral*, *tdl* i *ba2*, Zaključeno je da slaba gnojidba dušikom ne utječe značajno na svojstva oklaska. Autori također predlažu uporabu genomske selekcije za svojstva oklaska u ciljanim okolinama.

Vlaga zrna u berbi je svojstvo iznimne ekonomske važnosti zbog visokih troškova dosušivanja zrna nakon berbe. Brzo otpuštanje vlage iz zrna najvažnije je u okolinama s kratkom vegetacijskom sezonom (Sala i sur., 2006). Vlaga zrna je pod utjecajem genetskih čimbenika do formiranja crnog sloja, nakon čega na njeno otpuštanje djeluju atmosferski čimbenici. Sibov i sur. (2003) proveli su QTL analizu za prinos zrna, visinu biljaka, visinu do klipa i vlagu zrna u berbi u populaciji dobivenoj iz dvije tropske linije kukuruza. Heritabilnost za vlagu zrna bila je vrlo niska (0,23) zbog niske ukupne varijance za svojstvo, vjerojatno zbog neprikladnog odabira roditeljskih komponenata koje se nisu razlikovale u analiziranom svojstvu. Autori zaključuju da

nit i jedan QTL za vlagu zrna u berbi nije detektiran zbog niske varijance za svojstvo u populaciji. Sala i sur. (2006) proveli su QTL analizu u populaciji dobivenoj križanjem dvije linije različite vlage zrna u berbi. Korištene su metode intervalno kartiranje, CIM i višestruka stupnjevita regresija. Praćena svojstva bila su vlaga zrna u berbi i vlaga zrna 45 dana nakon cvatnje. Za ova dva svojstva postavljen je linearni regresijski model pomoću kojega je izračunata stopa sušenja zrna između tih dvaju točaka. Utvrđeno je postojanje 10 lokusa za vlagu zrna koji su uključujući interakcije opisivali 65,2% genetske varijance svojstva. Lokusi za stopu sušenja podudarali su se s onima za vlagu u berbi, najvjerojatnije zbog linearnog modela koji je kao nezavisnu varijablu sadržavao vlagu u berbi. Autori su utvrdili visok stupanj epistatičnog djelovanja detektiranih QTL-ova, pa je stoga zaključeno da se pri visokoj cijeni provedbe MAS-a više isplati provoditi klasičnu selekciju za svojstvo vlage zrna u berbi. Li i sur. (2014) razmatrali su hipotezu o aktivaciji različitih gena u različitim fazama zriobe kukuruza. Korištena je populacija kukuruza dobivena križanjem dvije linije s različitim fenotipom za svojstvo vlage u berbi. Praćena svojstva bila su stopa sušenja zrna i sadržaj vlage u zrnu, a mjerenja su obavljena 10, 20, 30 i 40 dana nakon cvatnje. Provedena je meta-analiza za mjerenja u svim stadijima. Iako nije otkriven niti jedan meta QTL za oba svojstva, detektirani su stabilni lokusi za povećanje i smanjenje vlage na kromosomima 1, 2, 4 i 5, Autori otkrivene lokuse predlažu kao vodilju u MAS-u za navedena svojstva.

Rekurentna selekcija potpomognuta markerima ili MARS (eng. *Marker Assisted Recurrent Selection*) predstavlja metodu selekcije u kojoj se pomoću dobivenih rezultata iz poljskih pokusa i podataka o markerima izabire potomstvo za sljedeći ciklus rekombinacije u nultom ciklusu (Bernardo, 2010). MARS se koristi za predviđanje oplemenjivačke vrijednosti jedinki iz populacije na temelju selekcijskog indeksa izračunatog prema formuli:

$$I = b_z z + b_m m$$

gdje b_z predstavlja relativnu vrijednost pridruženu fenotipskoj vrijednosti, z je ostvarena vrijednost fenotipa, b_m predstavlja relativnu vrijednost pridruženu vrijednosti markera, dok je m ostvarena vrijednost markera za lokus (Lande i Thompson, 1990). Beyene i sur. (2016) proveli su MARS na deset populacija kukuruza dobivenih križanjem elitnih tropskih inbred linija. Testkrižanci populacija uzgajani su u navodnjavanjem i nenavodnjavanjem okolinama, te su provedena dva ciklusa rekombinacije ili samooplodnje. U istraživanju su ostvarene genetske

dobiti od 105 i 51 kg/ciklus MARS-a u navodnjavanim i nenavodnjavanim uvjetima. Zaključeno je da MARS predstavlja dobru metodu oplemenjivanja za prinos u Subsaharskoj Africi za povoljne i nepovoljne uvijete navodnjavanja. Bernardo i Yu (2007) navode da se genomska selekcija (GS) u simuliranim istraživanjima pokazala kao superiorna u odnosu na MARS, te da daje 18 do 40% bolje rezultate ovisno o heritabilnosti svojstva i broju korištenih markera.

1.3. Genomska selekcija

Genomska selekcija (GS) (eng. *Genomwide/Genomic Selection*) je metoda koja za razliku od MAS-a i MARS-a na temelju vrijednosti markera na pojedinim lokusima predviđa fenotip na principu najboljih linearnih nepristranih predviđanja ili BLUP (eng. *Best Linear Unbiased Prediction*). Model na kojemu se temelje predviđanja sastoji se od jedne slučajne (efekti markera) i jedne zavisne varijable (fenotip):

$$y = \mu 1_n + X_i g_i + e$$

μ predstavlja ukupni prosjek za svojstvo, 1_n je vektor broja markera, X_i je matrica dizajna markera, g_i su genetski efekti markera, a e je rezidualna greška (Meuwissen i sur., 2001). Linearni modeli posjeduju dobru prediktivnu sposobnost kada je broj markera manji od broja opažanja, no u slučajevima kada je broj markera velik, dodirni markeri pokazuju visok stupanj korelacije i najmanje dva uvjeta linearnog modela su narušena. Piepho (2009) je uočio da linearni modeli daju loše rezultate kriterija za procjenu kvalitete modela, te je predložio uporabu Tikhonovljeve regularizacije odnosno hrbatne regresije (eng. *ridge regression*) kao metode koja daje najbolja nepristrana predviđanja fenotipa iz podataka o markerima. Temelj Tikhonovljeve regularizacije je funkcija gubitaka ili penalizacija (λ) koja se pridružuje rezultatima markera.

Endelman (2011) je osmislio programsku knjižnicu rrBLUP za R programsko sučelje u kojoj je implementirana uporaba hrbatne regresije za provedbu genomske selekcije prema opisanom modelu. Autor je u istraživanju ispitao i uporabu ostvarenih genetskih veza između ispitivanih jedinki u predviđanju fenotipa te zaključio da postoji gotovo apsolutna podudarnost iz rezultata ostvarenih dvjema metodama.

U istraživanju Massman i sur (2013) provedenom na 479 biparentalnih populacija kukuruza genotipiziranih sa 115 – 669 SNP markera, potvrđeno je da između točnosti predviđanja na

temelju ostvarene genetske udaljenosti i hrbatne regresije nema statistički značajnih razlika. U istraživanju su utvrđene vrlo visoke vrijednosti r_{MG} (korelacija između predviđene i stvarne oplemenjivačke vrijednosti) od 0,87 za prinos i 0,90 za vlagu zrna. Kod predviđanja prinosa testkrižanaca 14 pojedinačnih populacija vrijednosti r_{MG} su značajno opale na -0,30 do 0,36 za prinos i -0,42 do 0,39 za vlagu zrna. Zaključeno je kako je potreban veći broj markera za ostvarenje viših vrijednosti r_{MG} , te da je GS efikasnija u predviđanju kada se za izračun modela koristi više populacija u odnosu na pojedinačne populacije. GS posjeduje komparativnu prednost u odnosu na klasičnu selekciju kroz sekundarna svojstva za toleranciju na sušni stres. Ziyomo i Bernardo (2013) koristili su IBM populaciju kukuruza genotipiziranu s 998 SNP markera u pokusima na pjeskovitom vodopropusnom tlu (suša) i u pokusima s glinastom ilovačom. Premda su vrijednosti r_{MG} i heritabilnosti u uvjetima suše bile niže, relativna učinkovitost GS bila je 24% viša u odnosu na učinkovitost selekcije putem sekundarnih svojstava. Autori zaključuju da GS može povećati genetsku dobit kod selekcije za toleranciju na sušu. Combs i Bernardo (2013) istraživali su utjecaj variranja broja jedinki, broja markera i heritabilnosti na učinkovitost GS u pet populacija kukuruza, ječma i pšenice. Na temelju podataka ostvarenih u pokusima simulirane su empirijske populacije sa željenim svojstvima. Cilj istraživanja bio je utvrditi zašto je za pojedina svojstva GS efikasnija u odnosu na druga. Utvrđeno je da veći broj jedinki u populaciji i veća heritabilnost svojstva vode do boljih rezultata GS detektiranih kroz višu korelaciju predviđenih i ostvarenih fenotipskih vrijednosti (r_{MP}). Efektivni broj markera korišten za predviđanja poboljšava točnost predviđanja samo do točke saturacije genetske mape kada su svi događaji rekombinacije zabilježeni. Zaključeno je da je za ostvarivanje preciznijih rezultata GS potrebno uračunati genetsku arhitekturu ispitivanog svojstva u model kroz uvođenje faktora M_e , broja kromosomskih segmenata koji utječu na svojstvo. Lian i sur. (2015) ispitivali su učinkovitost GS u predviđanju genotipskih oplemenjivačkih vrijednosti u 969 populacija kukuruza genotipiziranih sa SNP markerima. Oplemenjivačka vrijednost procijenjena je kao $r_{MP}/\sqrt{h^2}$, a predviđanje je provedeno prema formuli:

$$E(r_{MG_{r^2}}) = r^2 \left[\frac{Nh^2}{r^2Nh^2 + M_e} \right]^{1/2}$$

u kojoj je M_e vrijednost izračunata dekompozicijom svojstvenih vrijednosti opažene neravnoteže vezanosti varijabilnog broja markera kroz populacije, a r^2 je kvadrirana korelacija dodirnih

markera. Autori zaključuju da je vrlo teško predvidjeti vrijednost r_{MG} , no da uključivanje podataka o markerima u model povećava njegovu robustnost u procjeni oplemenjivačke vrijednosti. Oplemenjivački programi se često sastoje od velikog broja oplemenjivačkih populacija koje predstavljaju izvore novog materijala. Kada je broj populacija velik često korištena metoda je selektivna genotipizacija (Broman i Sen, 2009) pri kojoj se genotipiziraju samo populacije koje pokazuju ekstremni fenotip. Jacobson i sur. (2015) proveli su istraživanje u kojemu su ispitali mogućnost imputacije populacija genotipiziranih s malim brojem markera (elitno x elitno) na temelju sličnosti na ključnim točkama s populacijama genotipiziranim s velikim brojem markera (elitno x ne-elitno). Svojstvo od interesa bilo je opća kombinatorna sposobnost. Vrijednosti r_{MP} za svojstvo prinosa nisu se značajno mijenjale kada je populacija genotipizirana s više od 500 markera, dok značajne promjene u r_{MP} za vlagu zrna i hektolitarsku masu nisu evidentirane iznad 1000 markera. Autori zaključuju da populacije dobivene križanjem elitnih linija nije potrebno genotipizirati s više od 50 polimorfni markera, nakon čega je moguće provesti imputaciju sa preko 1000 markera.

1.4. QTL kartiranje u rrBLUP predviđenom fenotipu

Linije B73 i Mo17 koje su činile najviše uzgajani hibrid odličnih proizvodnih svojstava najviše korišten tijekom 1970-ih i 1980-ih godina (Hallauer i sur., 2010) još uvijek predstavljaju osnovu velikog broja oplemenjivačkih programa (Mikel, 2011). IRIL linije B73xMo17 populacije pripadaju miješanoj heterotičnoj skupini Iowa Stiff Stalk Synthetic (B73) i Lancaster (Mo17). Testkrižanja germplazme heterotičnih skupina nastalih miješanjem dviju različitih heterotičnih skupina u svrhu dobivanja hibrida, provode se s linijama koje pripadaju heterotičnoj skupini koja je najmanje vezana s obje tvorbene skupine, što je u slučaju linija B73 i Mo17, heterotična skupina Iodent (Benetzen i Hake, 2009). S obzirom na svojstvo testkrižanja da se 50% genetske varijance fenotipa gubi jer je jedan roditelj svih testkrižanaca isti i fiksiran za sve alele, komponenta genetske varijance za testkrižance je $\frac{1}{2}$ genetske varijance linija *per se*. Korištenjem mješovitih statističkih modela, s genotipom kao fiksnim ili nasumičnim faktorom, komponenta genetske varijance se procjenjuje ili predviđa (Bates i sur., 2015), dok se u rrBLUP modelu na temelju ostvarenog fenotipa, predviđaju učinci molekularnih markera (Endelman, 2011) visoke heritabilnosti. Varijanca fenotipa u rrBLUP modelu je stoga procijenjena varijanca ostvarenih genetskih veza, dok genetska varijanca procijenjena na temelju mješovitog modela nosi i

varijancu uzrokovanu individualnim čimbenicima koji nisu pod utjecajem nuklearnog genoma. Ti čimbenici uglavnom podrazumijevaju organelarne i citoplazmatske razlike, kao i specifične interakcije na razini metaboloma (Joseph i sur., 2013).

QTL kartiranje za svojstva pod izraženim utjecajem dominacije poput prinosa, otežano je svojstvom testkrižanaca da fenotip testkrižanca za jedno-lokusni model iznosi $\mu_T + \frac{1}{2}(q - p)\alpha_T$ (Bernardo, 2010). Za bilo koji lokus na kojemu je prisutna dominacija za alel bilo kojeg roditelja u odnosu na liniju korištenu kao tester, nije moguće razdvojiti pojedinačni utjecaj alela roditelja A i roditelja B jer su linije B73 i Mo17 obje heterotične u odnosu na Iodent, osim ukoliko se učinci pojedinih alela u testkrižanju razlikuju. Drugi čimbenici koji otežavaju kartiranje QTL-a za prinos su veliki broj lokusa koji utječu na svojstvo i velika okolinska varijanca koji uzrokuju šum u podacima, pa dijeljenje populacije prema alelu na nekom lokusu u QTL analizi rezultira velikom standardnom greškom. Korištenjem hrbatne regresije u rrBLUP modelu, okolinska varijanca i drugi ne-genetski čimbenici se potpuno odstranjuju iz fenotipa, a preostaje samo varijanca realiziranih genetskih veza koja čini vrlo mali udio ukupne varijance. Kako hrbatna regresija predstavlja rješenje za loše postavljene probleme (neortogonalnost), razlaganje svojstvenih vrijednosti za kolinearne nezavisne varijable (Hoerl i Kennard, 1970) (markere) u model uključuje neravnotežu vezanosti gena (Endelman, 2011), pa stoga također predstavlja vrstu QTL kartiranja pri kojem bi vrijednosti efekata markera bile ekvivalent LOD vrijednostima. Obzirom na svojstvo rrBLUP modela da se svakom markeru pridruži vrijednost efekta različita od nule, a za analizu genetskih čimbenika je potrebna statistički definirana vrijednost donje granice izglednosti za proglašenje lokusa, stupnjevita QTL analiza korištenjem vrijednosti predviđenih rrBLUP modelom može ponuditi dokazanu i robustnu metodu za određivanje statistički značajnih učinaka lokusa pribrojanih fenotipu rrBLUP modelom, te analizu interakcija pojedinih lokusa. Bernardo (2013) je predložio korištenje rrBLUP predviđenih efekata markera za kontrolu pozadinskog šuma prilikom QTL kartiranja. U metodi koju autor opisuje, prilikom kartiranja lokusa na jednom kromosomu, varijanca koja je pridružena svim markerima na kromosomima za koje se ne provodi kartiranje se uklanja iz fenotipa i tako za svaki kromosom, dok analiza nije provedena za cijeli genom. Opisana metoda nazvana je G model. QTL kartiranje s vrijednostima fenotipa procijenjenim korištenjem rrBLUP modela do sada je provedeno na uljanoj repici (Li i sur., 2015), ječmu (Maurer i sur., 2015) i kukuruzu (Galić i sur., 2017). Li i

sur. (2015) zaključili su da korištenje rrBLUP predviđenih fenotipskih vrijednosti povećava vjerojatnost za otkrivanje lokusa.

Zyomo i Bernardo (2013) zaključili su da je u uvjetima sušnog stresa genomska selekcija efikasnija u odnosu na indirektnu selekciju putem sekundarnih svojstava. Uzrok povišene učinkovitosti je visoka heritabilnost marker-genotipa u odnosu na heritabilnost sekundarnih svojstava. S obzirom na mogućnosti hrbatne regresije za ostvarivanje relevantnih predviđanja efekata markera u uvjetima stresa, predviđeni fenotip sadrži varijancu relevantnih lokusa za svojstvo, što otvara mogućnost preciznog kartiranja relevantnih lokusa korištenjem rrBLUP predviđenog fenotipa u uvjetima stresa.

2. Ciljevi i hipoteze istraživanja

Ciljevi ovoga istraživanja su:

- (i) istražiti postojanje kromosomskih regija povezanih s kompleksnim kvantitativnim svojstvima prinosa zrna, vlage zrna u berbi i udjela oklaska u ukupnom prinosu klipa
- (ii) provesti genomsku selekciju za ova svojstva u testkrižancima IBM populacije korištenjem hrbatne regresije
- (iii) usporediti rezultate genomske predikcije sa dvije mape različite gustoće
- (iv) usporediti rezultate QTL analize sa sirovim podacima i s predviđenim vrijednostima

Glavne hipoteze ovog istraživanja bile su:

- (i) U IBM populaciji postoje neotkriveni lokusi povezani s prinosom i njegovim komponentama
- (ii) Moguće je odabrati hibrid najboljih svojstava za pojedine uvjete uzgoja iz testkrižanaca IBM populacije korištenjem genomske selekcije
- (iii) Nakon točke saturacije genetske mape, predikcijska sposobnost genomske selekcije ostaje nepromijenjena
- (iv) QTL analiza u predviđenim vrijednostima daje jednake rezultate kao i korištenjem opaženih vrijednosti

3. Materijali i metode

3.1. Biljni materijal

Za provedbu pokusa korišteni su testkrižanci (hibridi) međukrižanih rekombinantnih inbred linija (IRIL eng. *intermated recombinant inbred lines*) IBMSyn4 (Lee i sur., 2002, eng. *Intermated B73xMo17 Synthetic generation 4*) sintetičke populacije kukuruza (*Zea mays* L.). Sjeme linija je preuzeto od organizacije MaizeGDB (Lawrence i sur., 2007). Testkrižanje je provedeno s komercijalnom linijom Poljoprivrednog intituta Osijek Os84-28A iz genetske heterotične skupine Iodent. Godina 2014. i 2015. korišten je set od 191 IRIL. Uslijed nedostatka sjemena testkrižanja su ponovljena u zimskom uzgoju u Čileu te je 2016. korišten drugi set od 186 IRIL-a. U dva seta nalazilo se 155 preklapajućih linija, dok su preostalih 36/31 bile specifične za svaki set.

3.2. Dizajn pokusa

Pokusi su provedeni u 2014., 2015. i 2016. godini na pokusnim površinama Poljoprivrednog instituta Osijek u Osijeku i Altinovi/Ayvaliku u Turskoj (39°11'43,3"N 26°46'34,3"E). Pokusi 2014. i 2015. godine imali su 216 članova (191 IRIL, roditeljske komponente i standardi), dok su pokusi 2016. na obje lokacije imali 190 članova (186 IRIL-a i dva ponavljanja roditeljskih komponenti). Godine 2014. postavljena su dva pokusa u dva ponavljanja u Osijeku, te jedan pokus s jednim ponavljanjem u Turskoj. Pokusi u Osijeku posijani su u dvije gustoće sklopa: normalnoj (~56000 biljaka/ha, OS14N) i visokoj (~95000 biljaka/ha, OS14H), dok je pokus u Turskoj (TR14) posijan u normalnoj gustoći na parceli s navodnjavanjem (natapanjem). 2015. godine u Osijeku je postavljen pokus s jednim ponavljanjem (OS15), a u Turskoj pokus u dva ponavljanja s navodnjavanjem (TR15). 2016. godine postavljen je pokus u Osijeku u dva ponavljanja (OS16), te dva pokusa u Turskoj bez ponavljanja: kontrola (TR16, s normalnim obrocima navodnjavanja) i suša u cvatnji (s odgođenim obrokom navodnjavanja u cvatnji). Pokus sa sušom nije u potpunosti uspio uslijed iznimno visokih temperatura tijekom tretmana. Jedna kombinacija godina/lokacija i godina/gustoća sklopa smatrana je okolinom. Svi pokusi postavljeni su kao rešetkasti blok, dizajna 27 parcela u 8 blokova 2014./15, i 19 parcela u 10 blokova 2016. godine.

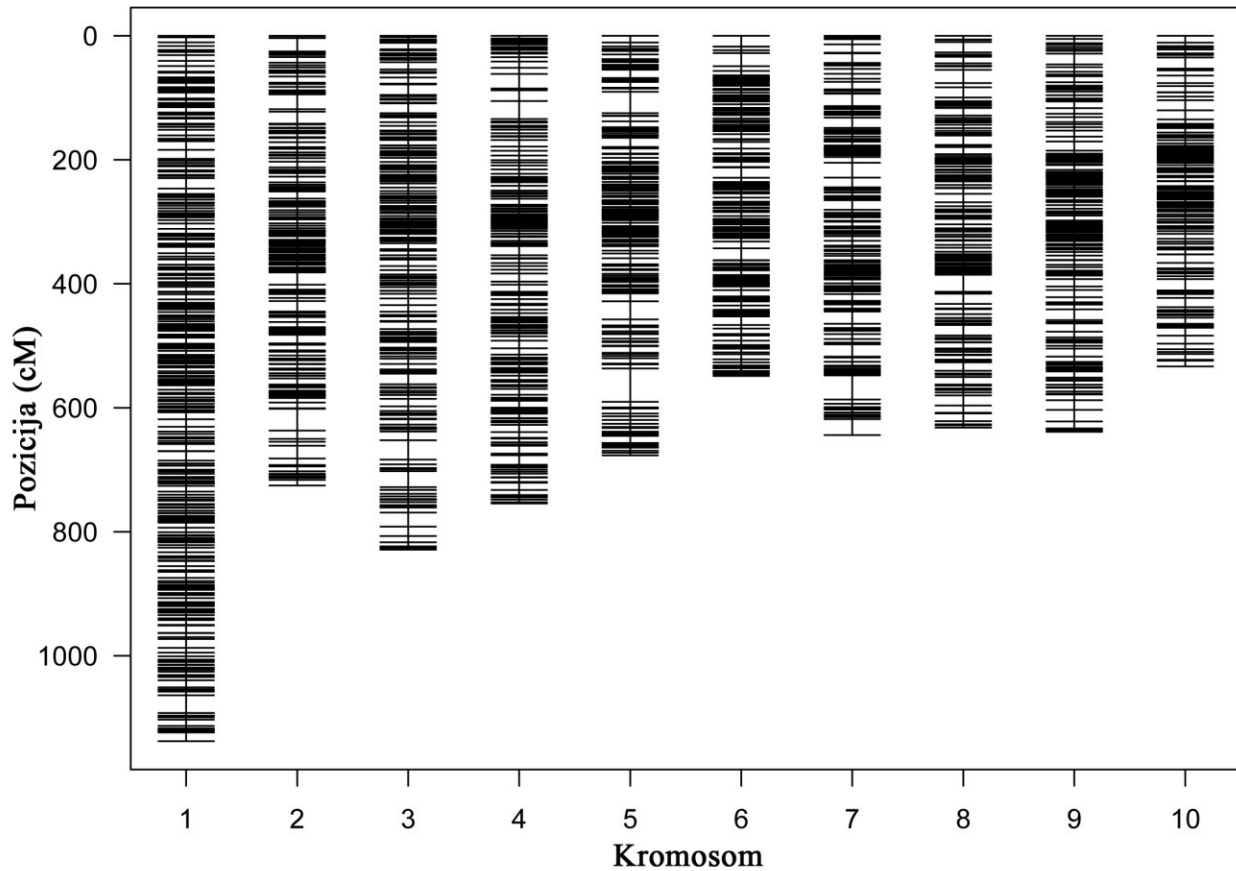
3.3. Agroklimatološki podatci

Klimatološki podatci za Osijek preuzeti su s mrežnih stranica Državnog hidrometeorološkog zavoda i mrežnih stranica organizacije Weather Underground (www.wunderground.com, pristupljeno 15. ožujka 2017.), dok su svi podatci za Ayvalik preuzeti s mrežnih stranica organizacije Weather Underground. Deficit tlaka pare izračunat je prema Allen i sur. (1998)

3.4. Molekularni markeri

IBMSyn4 populacija genotipizirana je velikim brojem metoda (Coe i sur., 2002, Fu i sur., 2006, Vroh Bi i sur., 2006, Ganai i sur., 2011, Glaubitz i sur., 2014) ovisno o cilju i potrebi istraživanja. U ovom istraživanju korištena su dva seta podataka o genetskim markerima: 2178 molekularnih markera ostvarenih raznim metodama (SSR, RFLP, SNP, InDel) preuzetih s mrežnih stranica organizacije MaizeGDB (Andorf i sur., 2010, 2015), te ~960 000 SNP markera dobivenih genotipizacijom sekvenciranjem (GBS, eng. *Genotyping By Sequencing*) prema metodi Elshire i sur. (2011). SNP markeri su preuzeti s mrežnih stranica organizacije Panzea (Zhao i sur., 2006). Odabir informativnih SNP markera iz podataka proveden je u programu TASSEL 5 (Glaubitz i sur., 2014) s minimalnom frekvencijom minor-alela podešenom na 0,05 i najviše 80% nedostajućih podataka za marker (Torkamaneh i sur., 2016). Konačni broj markera nakon filtriranja bio je 94,058. SNP markeri nisu pridruženi pozicijama na genetskoj karti, dok je genetska karta za 2178 molekularnih markera izračunata Kosambi (Kosambi, 1944) funkcijom (Fu i sur., 2006, Slika 1). Genotipizacija GBS metodom provedena je na setu od 276 linija, dok je 2178 mješovitih markera ostvareno na ukupnom broju od 302 IBM linije. Cijeli set linija (191) korišten 2014. i 2015. godine genotipiziran je s oba seta markera, dok 7 linija iz seta korištenog 2016. godine nije genotipizirano GBS metodom, te su stoga daljnje analize provedene na setu koji čini 179 linija genotipiziranih korištenjem obje metode genotipizacije.

Genetska karta



Slika 1. Genetska karta 2178 mješovitih markera kod IBMSyn4 populacije

3.5. Prikupljanje fenotipskih podataka

Podaci o prinosu prikupljeni su vaganjem svih klipova s pokusne parcele oduzimanjem udjela oklaska u ukupnom prinosu, te normalizacijom na 14% vlage u zrnu. Udio oklaska u ukupnom prinosu izračunat je vaganjem oklasaka uzorka od pet nasumično odabranih klipova i izražen je kao postotni udio (%). Vlaga zrna u berbi procijenjena je vlagomjerom proizvođača Dickey-john, model GAC-2500 iz uzorka od približno 500g i izražena kao postotni udio (%).

3.6. Kvantitativno-genetička analiza

Komponente varijance procijenjene su korištenjem ograničene maksimalne izglednosti (REML, eng. *Restricted Maximum Likelihood*) u funkcijom {lmer} programske knjižnice {lme4} (Bates i sur., 2015). Heritabilnost u širem smislu je procijenjena prema Hallauer i sur. (2010) i formuli:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_{gxE}^2 + \sigma_e^2 + \sigma_g^2}$$

U kojoj σ_g^2 predstavlja komponentu genetske varijance, σ_{gxE}^2 interakciju genotipa i okoline, a σ_e^2 rezidualnu varijancu ili grešku modela.

3.7. Genomska predviđanja

Efekti markera izračunati su korištenjem hrbatne regresije odnosno Tikhonovljeve regularizacije linearne regresije korištenjem faktora penalizacije, te su na temelju izračunatih vrijednosti izračunata genomska predviđanja (Endelman, 2011). Faktor penalizacije izračunat je kao:

$$\lambda = \sigma_e^2 / \sigma_u^2$$

gdje σ_e^2 predstavlja rezidualnu varijancu, dok je σ_u^2 varijanca markera. Rješenje BLUP modela za izračun efekata marker u kojemu $u \sim N(0, I\sigma_u^2)$ predstavlja vektor efekata markera, a $Z = WG$ gdje je W matrica dizajna linija, a G matrica genotipova se piše:

$$\hat{u} = Z'(ZZ' + \lambda I)^{-1} y$$

Na temelju ovog rješenja, fenotip izračunat opisanim modelom za svojstvo je:

$$y = WGu + \varepsilon$$

Predviđanja su izvršena korištenjem programske knjižnice {rrBLUP} (Endelman, 2011) u R sučelju (R core team, 2016) korištenjem funkcije {rrBLUP::mixed.solve} prema metodologiji opisanoj u Combs i Bernardo (2013). Vrijednost r_{MP} predstavlja Pearsonovu produkt-moment korelaciju između ostvarenih i predviđenih vrijednosti, a izračunata je dijeljenjem seta ostvarenih podataka na set za izračun vrijednosti efekata markera (eng. *training set*) i set za predviđanja (eng. *validation set*). Za izračun r_{MP} korišteni su setovi s potpunim podacima dobivenih

genotipizacijom i fenotipizacijom 191/179 primki. Dijeljenje na set za izračun vrijednosti efekata markera i set za predviđanja (unakrsna validacija, eng. *cross-validation*) provedeno je 500 puta nasumičnim odabirom 10% genotipova iz svakog seta. U svakom ciklusu izračunata je r_{MP} i vrijednosti su pohranjene. r_{MP} je izražena kao prosjek za svaku okolinu, te minimalna i maksimalna ostvarena vrijednost iz 500 ciklusa izračuna. Programska skripta s automatiziranim procesom izračuna genomskih predviđanja za veći broj fenotipova i 500 ciklusa izračuna vidljiva je u prilogu (Prilog 1). Fenotipske vrijednosti setova podataka 2 i 4 (Tablica 1) predviđene su korištenjem opaženih 191/179 vrijednosti kao seta podataka za izračun vrijednosti efekata markera. Set podataka 3 nastao je kombiniranjem 191/179 vrijednosti s opaženim fenotipom s predviđenim vrijednostima fenotipa za 85/97 genotipova za koje su bili dostupni samo podatci genotipizacije.

Tablica 1. Setovi podataka korišteni za QTL analizu

Set podataka	n	Vrijednosti
set 1	191/179	Opažene
set 2	85/97	Predviđene
set 3	276	Opažene + Predviđene
set 4	276	Predviđene

3.8. QTL analiza

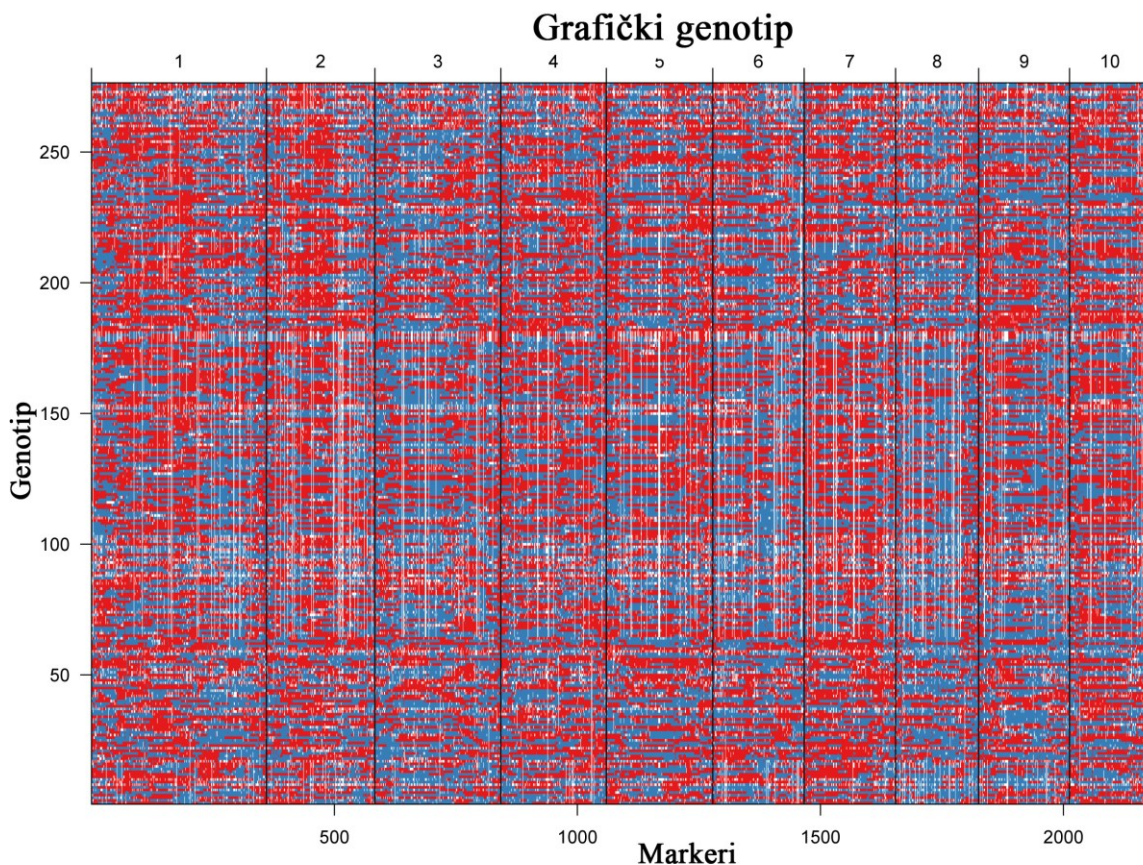
QTL analiza provedena je korištenjem {qtl} programske knjižnice (Broman i sur., 2003) u R sučelju (R core team, 2016). Za kartiranje lokusa kvantitativnih svojstava korišteno je više postupaka:

1. Provedena je inicijalna analiza pod pretpostavkom jednog QTL-a za svojstvo (1 stupanj slobode) metodom Haley-Knott
2. Provedeno je 1000 permutacija za svaki korišteni fenotip s ciljem pristupanja nul-distribuciji
3. Rezultati inicijalne analize pohranjeni su, te je provedena stupnjevita analiza selekcijom unaprijed (Gimelfarb i Lande, 1994) i eliminacijom unazad (Jansen, 1993) pod pretpostavkom aditivnog djelovanja QTL-ova. Svaki QTL značajnog učinka pri $\alpha = 0,05$ uključen je u linearni model, te je model analiziran prvo iterativnim dodavanjem

detektiranih lokusa unaprijed, a zatim oduzimanjem lokusa unazad. Odabran je model s najvišom vrijednosti kriterija za usporedbu.

4. Pročišćene su pozicije detektiranih lokusa.
5. Postavljen je višestruki linearni model za sve lokuse značajnog učinka u stupnjevitosti regresiji, te je metodom najmanjih kvadrata provedena analiza varijance i ispitan udio varijance objašnjen modelom.

QTL analiza provedena je za sve okoline i po ponavljanjima, te korištenjem prosjeka ponavljanja za okolinu, prosjeka okolina za svaku godinu, zasebnih prosjeka svih godina za lokacije Osijek i Ayvalik (Turska) i prosjeka svih okolina. Za provedbu QTL analize korištena su četiri seta podataka s vrijednostima opaženim u polju i BLUP vrijednostima predviđenim korištenjem rrBLUP metode (Tablica 1). Marker genotipovi linija korištenih u QTL analizi prikazani su na Slici 2,



Slika 2: Grafčki prikaz marker genotipova za 276 IRIL-a IBMSyn4 populacije korištenih za QTL analizu

4. Rezultati

4.1. Meteorološki i agronomski podatci

Prosječna temperatura zraka i deficit tlaka pare (VPD) u srpnju i kolovozu 2014., 2015. i 2016. bili su viši na lokaciji Ayvalik (AY) u odnosu na lokaciju Osijek (OS) (Tablica 2). Najviša prosječna temperatura zraka u srpnju ostvarena je 2016. godine na lokaciji AY (27,4°C), a najviša prosječna dnevna vrijednost VPD-a za srpanj bila je 3497 Pa 2015. godine na lokaciji AY. Najniža temperatura zraka u srpnju ostvarena je 2014. godine na lokaciji OS (22,3°C), a iste godine na istoj lokaciji zabilježena je i najniža prosječna vrijednost VPD-a za srpanj (2185 Pa). Najviša prosječna temperatura zraka u kolovozu ostvarena je 2015. i 2016. godine na lokaciji AY (27,9°C), a najviša prosječna vrijednost VPD-a za kolovoz bila je 3285 Pa 2015. godine na lokaciji AY. Najniža prosječna temperatura zraka u kolovozu ostvarena je 2014. i 2016. godine na lokaciji OS (21,1°C), a najniža prosječna vrijednost VPDa za kolovoz (1965 Pa) ostvarena je 2014. godine na lokaciji OS. Prosječna količina oborina u srpnju i kolovozu bila je viša na lokaciji OS u odnosu na lokaciju AY. Najveća količina oborina u srpnju izmjerena je 2016. godine na lokaciji OS (114,2 mm), a najmanja 2015. godine na lokaciji AY (0 mm). Najveća količina oborina u kolovozu izmjerena je 2014. godine na lokaciji OS (92,5 mm), a najmanja 2014. godine na lokaciji AY (0 mm). Prosječni broj kišnih dana u srpnju i kolovozu bio je veći na lokaciji OS u odnosu na lokaciju AY. Najviše kišnih dana u srpnju bilo je na lokaciji OS 2014. godine (15), a najmanje na lokaciji AY 2015. godine (0). Najviše kišnih dana u kolovozu bilo je na lokaciji OS 2014. godine (11), a najmanje na lokaciji AY 2014. godine (0). Vrijednosti VPD-a bile su u prosjeku statistički značajno više u okolinama na lokaciji AY u odnosu na okoline na lokaciji OS u oba praćena mjeseca. Ispitivanjem pojedinačnih godina i mjeseci, utvrđeno je da su vrijednosti VPD-a u 2014. i 2016. bile statistički značajno više na lokaciji AY u oba praćena mjeseca, dok 2015. nije utvrđena statistički značajna razlika premda su vrijednosti na lokaciji AY (3497 i 3285 Pa) bile više u odnosu na vrijednosti na lokaciji OS (2945 i 2935 Pa).

Tablica 2. Agroklimatološki podaci za srpanj i kolovoz na lokacijama Osijek (OS) i Ayvalik (AY) za 2014., 2015. i 2016. godinu.

God.	Lok.	t (°C)		Oborine (mm)		Br. Dana s oborinama		VPD (Pa)	
		Srp. ^a	Kol. ^a	Srp.	Kol.	Srp.	Kol.	Srp.	Kol.
2014	OS	22,3 ± 2,1	21,1 ± 2,5	82,6	92,5	15	11	2185 b	1965 b
	AY	26,1 ± 1,8	26,7 ± 2,2	0,3	0	1	0	3314 a	3207 a
2015	OS	24,6 ± 3,2	24,5 ± 3,6	24,9	38,9	6	7	2945 a	2935 a
	AY	27,1 ± 1,5	27,9 ± 1,7	0	9,1	0	2	3497 a	3285 a
2016	OS	23,0 ± 2,7	21,1 ± 2,0	114,2	48,7	8	8	2299 b	2027 b
	AY	27,4 ± 1,3	27,9 ± 1,9	1	9,7	1	1	3331 a	3101 a
Pros.	OS	23,3 ± 2,6	22,2 ± 2,7	73,9	60	9,7	8,7	2476 b	2309 b
	AY	26,9 ± 1,5	27,5 ± 1,9	0,4	6,3	0,7	1	3380 a	3197 a

Razlike između okolina za VPD utvrđene su prema Tukey HSD testu. Različita slova predstavljaju statistički značajne razlike pri $\alpha = 0,05$

^at (°C) ± standardna devijacija

Prosječni udio oklaska u ukupnom prinosu klipa bio je viši u okolinama na lokaciji AY u odnosu na okoline na lokaciji OS (Tablica 3). Najviši relativni udio oklaska ostvaren je u okolini TR14 (15,62%), dok je najniži udio oklaska ostvaren u okolini OS14H (12,8%). Heritabilnost udjela oklaska bila je viša u okolinama na lokaciji OS u odnosu na okoline na lokaciji AY. Prosječni udio vode u prinosu zrna bio je viši u okolinama na lokaciji OS u odnosu na okoline u Turskoj. Najviša vlaga zrna ostvarena je u okolini OS16 (22,3%) dok je najniža vrijednost svojstva ostvarena u okolini TR16 (11,81%). Dvostruko više vrijednosti heritabilnosti za udio vode u zrnu zabilježene su okolinama na lokaciji Osijek ($H^2 = 0,69$) u odnosu na okoline u Turskoj ($H^2 = 0,34$). Prosječni prinos zrna bio je viši u okolinama na lokaciji OS u odnosu na okoline na lokaciji AY. Najviša vrijednost za prinos zrna ostvarena je u okolini OS14N (12,18 t/ha), dok je najniža vrijednost za svojstvo ostvarena u okolini TR14 (5,68 t/ha). Heritabilnost za prinos zrna bila je viša u okolinama na lokaciji TR u odnosu na okoline na lokaciji OS.

Tablica 3. Prosječne vrijednosti i njihove standardne greške praćenih svojstava u cjelokupnom pokusu, te rezultati kvantitativno genetičke analize za sve okoline korištene u istraživanju.

Okolina ^a	Broj ponavljanja	% Oklaska	% Vode	Prinos (t/ha)
OS14N	2	13,26 ± 0,10 c	19,59 ± 0,07 c	12,18 ± 0,11 a
OS14H	2	12,80 ± 0,11 d	20,20 ± 0,08 b	12,14 ± 0,11 a
OS15	1	13,67 ± 0,10 c	18,16 ± 0,06 d	10,94 ± 0,12 b
OS16	2	13,55 ± 0,12 c	22,30 ± 0,08 a	8,75 ± 0,13 d
TR14	1	15,62 ± 0,17 a	22,01 ± 0,19 a	5,68 ± 0,16 e
TR15	2	13,56 ± 0,15 c	12,78 ± 0,11 e	9,77 ± 0,20 b
TR16	1	14,64 ± 0,20 b	11,81 ± 0,05 f	8,23 ± 0,14 d
OS	7	13,27 ± 0,14 b	19,92 ± 0,67 a	11,01 ± 0,61 a
TR	4	14,35 ± 0,53 a	14,84 ± 2,40 b	8,36 ± 0,98 b
Komponente varijance				
OS	Genotip	1,25	0,35	0,43
	Okolina	0,15	3,19	2,57
	GxO	0,41	0,25	0,79
	Greška	0,77	0,57	1,24
TR	Genotip	0,72	0,18	0,47
	Okolina	1,62	31,06	5,13
	GxO	1,14	0,20	0,00
	Greška	1,86	1,64	2,42
<i>H</i> ²				
OS	7	0,84	0,69	0,51
TR	4	0,51	0,34	0,53

Razlike između okolina utvrđene su prema Tukey HSD testu. Različita slova predstavljaju statistički značajne razlike pri $\alpha = 0,05$

^aOznake okolina su OS i TR za Osijek i Tursku, praćene oznakom godine i oznakom okoline za istu godinu i lokaciju.

Svojstvo udio vode u zrnu nije pokazalo korelacije s druga dva praćena svojstva. Između prinosa zrna i udjela oklaska utvrđena je slaba negativna korelacija. VPD u srpnju pokazao je umjerene do jake negativne korelacije s udjelom vode u zrnu i prinosom dok je s udjelom oklaska u prinosu klipa zabilježena umjerena do jaka pozitivna korelacija. VPD u kolovozu pokazao je umjereno jake, odnosno slabe do umjerene negativne korelacije s prinosom zrna i udjelom vode u zrnu, dok je s udjelom oklaska zabilježena jaka pozitivna korelacija (Tablica 4).

Tablica 4. Pearsonovi koeficijenti korelacije između mjerenih svojstava ($n = 2065$) i Spearmanovi koeficijenti korelacije između deficita tlaka pare (VPD) u srpnju i kolovozu i mjerenih svojstava ($n = 7$) (kurziv). Statistička značajnost pri $\alpha = 0,05$ utvrđena je samo za korelaciju udjela oklaska i prinosa.

Svojstvo	% Oklaska	% Vode	Prinos (t/ha)
% Vode	-0,02		
Prinos (t/ha)	-0,33*	0,05	
VPD_srp	0,74	-0,56	-0,67
VPD_kol	0,77	-0,38	-0,70

4.2. Genomska predviđanja

Prosječna učinkovitost genomskih predviđanja (r_{MP}) za sve okoline za udio oklaska bila je 0,125. Donja granica r_{MP} za svojstvo bila je -0,196, a gornja granica 0,340. Najviša prosječna vrijednost r_{MP} za udio oklaska (0,184) ostvarena je kada su kao ulazni podatci za predviđanja bile prosječne vrijednosti svih 7 okolina, odnosno 11 ponavljanja s donjom graničnom vrijednosti od -0,199, gornjom graničnom vrijednosti od 0,388, te standardnom devijacijom od 0,098. Najniža prosječna vrijednost r_{MP} za udio oklaska ostvarena je korištenjem prosjeka okolina na lokaciji OS iz 2014. i 2015. kao ulaznih podataka (0,048) s donjom graničnom vrijednosti od -0,197, gornjom graničnom vrijednosti od 0,252 i standardnom devijacijom 0,073. Prosječna učinkovitost genomskih predviđanja (r_{MP}) za sve okoline za udio vode u zrnu bila je 0,068. Prosječna donja granica r_{MP} za svojstvo bila je -0,203, a gornja granica 0,267. Najviša prosječna vrijednost r_{MP} za udio vode (0,167) ostvarena je u okolini OS14N s donjom graničnom vrijednosti od -0,201, gornjom graničnom vrijednosti od 0,348 i standardnom devijacijom od 0,090. Najniža ostvarena prosječna vrijednost r_{MP} za udio vode u zrnu (-0,002) ostvarena je u okolini TR15 s donjom graničnom vrijednosti od -0,190, gornjom graničnom vrijednosti od 0,166 i standardnom devijacijom 0,063. Prosječna učinkovitost genomskih predviđanja (r_{MP}) za sve okoline za prinos zrna bila je 0,043. Prosječna donja granica r_{MP} za svojstvo bila je -0,209, a gornja granica 0,240. Najviša prosječna vrijednost r_{MP} za prinos zrna (0,114) ostvarena kada su kao ulazni podatci za predviđanja korištene prosječne vrijednosti za svih okolina iz 2014. i 2015. godine na lokaciji OS s donjom graničnom vrijednosti od -0,110, gornjom graničnom vrijednosti od 0,323 i standardnom devijacijom od 0,073. Najniža ostvarena prosječna vrijednost r_{MP} za

prinos zrna (-0,033) ostvarena je kada su kao ulazni podatci za predviđanja korištene prosječne vrijednosti okolina TR14 i TR15 s donjom graničnom vrijednosti od -0,317, gornjom graničnom vrijednosti od 0,141 i standardnom devijacijom 0,069 (Tablica 5).

Tablica 5. Prosječna učinkovitost, donja (DG) i gornja granica (GG), te standardne devijacije genomskih predviđanja (r_{MP}) na temelju 500 ciklusa unakrsne validacije korištenjem SNP seta markera.

Okolina	n (pon)	Svojtvo	r_{MP}	DG	GG	St. Dev.
OS14N	2	%Oklaska	0,171	-0,206	0,357	0,096
		% Vode	0,167	-0,201	0,348	0,090
		Prinos (t/ha)	0,108	-0,219	0,306	0,086
OS14H	2	%Oklaska	0,126	-0,188	0,359	0,090
		% Vode	0,107	-0,127	0,313	0,080
		Prinos (t/ha)	0,075	-0,155	0,281	0,072
OS15	1	%Oklaska	0,151	-0,165	0,394	0,093
		% Vode	0,046	-0,241	0,215	0,075
		Prinos (t/ha)	0,057	-0,191	0,256	0,066
OS14 + 15	5	%Oklaska	0,174	-0,177	0,405	0,095
		% Vode	0,118	-0,243	0,326	0,090
		Prinos (t/ha)	0,114	-0,110	0,323	0,073
OS16	2	%Oklaska	0,048	-0,197	0,252	0,073
		% Vode	0,067	-0,200	0,291	0,082
		Prinos (t/ha)	0,027	-0,222	0,253	0,086
OS14 + 15 + 16	7	%Oklaska	0,107	-0,210	0,315	0,091
		% Vode	0,015	-0,194	0,241	0,070
		Prinos (t/ha)	0,033	-0,253	0,214	0,077
TR14	1	%Oklaska	0,050	-0,215	0,228	0,083
		% Vode	0,030	-0,200	0,221	0,069
		Prinos (t/ha)	-0,026	-0,217	0,137	0,068
TR15	2	%Oklaska	0,105	-0,181	0,314	0,087
		% Vode	-0,002	-0,190	0,166	0,063
		Prinos (t/ha)	0,002	-0,232	0,221	0,076
TR14 + 15	3	%Oklaska	0,130	-0,234	0,383	0,094
		% Vode	0,036	-0,211	0,235	0,073
		Prinos (t/ha)	-0,033	-0,317	0,141	0,069
TR14 + 15 + 16	4	%Oklaska	0,134	-0,188	0,339	0,088
		% Vode	0,043	-0,204	0,238	0,079
		Prinos (t/ha)	0,012	-0,213	0,202	0,072
SVE	11	%Oklaska	0,184	-0,199	0,388	0,098
		% Vode	0,126	-0,222	0,339	0,084
		Prinos (t/ha)	0,098	-0,168	0,301	0,081
Prosjeak	n = 11	%Oklaska	0,125	-0,196	0,340	0,089
		% Vode	0,068	-0,203	0,267	0,077
		Prinos (t/ha)	0,043	-0,209	0,240	0,075

Između fenotipskih vrijednosti izračunatih korištenjem dva seta podataka o molekularnim markerima ostvarene su vrlo visoke korelacije (Tablica 5). Najniža ostvarena korelacija bila je 0,888 za prinos zrna na lokaciji TR14, a najviša 0,960 za udio oklaska u ukupnom prinosu u drugom ponavljanju na lokaciji OS14H.

Tablica 6. Koeficijenti korelacije (r) između 276 predviđenih fenotipskih vrijednosti korištenjem mješovitog i SNP seta markera. Sve ostvarene korelacije su statistički značajne pri $\alpha = 0,001$,

Okolina	Pon.	Svojstvo	r
OS14N	1	%Oklaska	0,949
		% Vode	0,948
		Prinos (t/ha)	0,911
OS14N	2	%Oklaska	0,956
		% Vode	0,954
		Prinos (t/ha)	0,944
OS14H	1	%Oklaska	0,954
		% Vode	0,959
		Prinos (t/ha)	0,939
OS14H	2	%Oklaska	0,960
		% Vode	0,956
		Prinos (t/ha)	0,942
OS15	1	%Oklaska	0,956
		% Vode	0,936
		Prinos (t/ha)	0,951
OS16	1	%Oklaska	0,929
		% Vode	0,931
		Prinos (t/ha)	0,923
OS16	2	%Oklaska	0,955
		% Vode	0,947
		Prinos (t/ha)	0,948
TR14	1	%Oklaska	0,891
		% Vode	0,929
		Prinos (t/ha)	0,888
TR15	1	%Oklaska	0,933
		% Vode	0,902
		Prinos (t/ha)	0,907
TR15	2	%Oklaska	0,931
		% Vode	0,923
		Prinos (t/ha)	0,942
TR16	1	%Oklaska	0,941
		% Vode	0,941
		Prinos (t/ha)	0,949

Relativno viša prosječna vrijednost r_{MP} za udio oklaska na temelju ukupno 11 ponavljanja ostvarena je korištenjem mješovitog seta markera (0,092) u odnosu na set SNP markera (0,090), premda vrijednosti ispod 0,16 predstavljaju vrlo nisku korelaciju. Donja granica točnosti predviđanja bila je -0,180 za mješoviti set i -0,194 za SNP set, a gornja granica 0,305 za mješoviti set i 0,298 za SNP set. Također, relativno viša prosječna vrijednost r_{MP} za udio vode u zrnju ostvarena je korištenjem mješovitog seta markera (0,075) u odnosu na set SNP markera (0,064). Donja granica točnosti predviđanja bila je -0,185 za mješoviti set i -0,206 za SNP set, a gornja granica 0,270 za mješoviti set i 0,260 za SNP set. Najniže vrijednosti r_{MP} ostvarene su za prinos zrna. Relativno viša prosječna vrijednost r_{MP} za prinos zrna ostvarena je korištenjem mješovitog seta markera (0,044) u odnosu na set SNP markera (0,035). Donja granica točnosti predviđanja bila je -0,221 za mješoviti set i -0,209 za SNP set, a gornja granica 0,249 za mješoviti set i 0,222 za SNP set (Tablica 7).

Tablica 7. Prosječna učinkovitost, donja (DG) i gornja granica (GG), te standardne devijacije genomskih predviđanja (r_{MP}) na temelju 500 ciklusa unakrsne validacije ovisno o korištenom setu markera po ponavljanju za sve okoline.

Set markera			MIX				SNP			
Okolina	Pon.	Svojtstvo	r_{MP}	DG	GG	St. Dev.	r_{MP}	DG	GG	St. Dev.
OS14N	1	%Oklaska	0,164	-0,167	0,384	0,092	0,143	-0,172	0,350	0,086
		% Vode	0,160	-0,135	0,402	0,092	0,165	-0,236	0,354	0,086
		Prinos (t/ha)	0,041	-0,163	0,221	0,074	0,012	-0,185	0,167	0,065
OS14N	2	%Oklaska	0,172	-0,172	0,396	0,094	0,165	-0,172	0,394	0,088
		% Vode	0,162	-0,204	0,365	0,091	0,145	-0,149	0,345	0,085
		Prinos (t/ha)	0,108	-0,201	0,306	0,092	0,093	-0,219	0,277	0,086
OS14H	1	%Oklaska	0,115	-0,167	0,343	0,089	0,119	-0,208	0,347	0,095
		% Vode	0,113	-0,125	0,300	0,077	0,098	-0,208	0,286	0,074
		Prinos (t/ha)	0,051	-0,281	0,299	0,074	0,051	-0,176	0,236	0,069
OS14H	2	%Oklaska	0,144	-0,215	0,395	0,091	0,163	-0,225	0,379	0,089
		% Vode	0,095	-0,195	0,279	0,078	0,094	-0,143	0,279	0,075
		Prinos (t/ha)	0,061	-0,208	0,257	0,077	0,065	-0,163	0,252	0,077
OS15	1	%Oklaska	0,145	-0,142	0,348	0,084	0,151	-0,165	0,394	0,093
		% Vode	0,047	-0,211	0,245	0,074	0,046	-0,241	0,215	0,075
		Prinos (t/ha)	0,053	-0,146	0,227	0,062	0,057	-0,191	0,256	0,066
OS16	1	%Oklaska	0,010	-0,209	0,200	0,072	0,012	-0,248	0,210	0,071
		% Vode	0,040	-0,197	0,231	0,078	0,036	-0,207	0,237	0,080
		Prinos (t/ha)	0,011	-0,211	0,228	0,078	-0,013	-0,234	0,143	0,071
OS16	2	%Oklaska	0,049	-0,185	0,271	0,076	0,054	-0,136	0,223	0,076
		% Vode	0,061	-0,173	0,285	0,078	0,056	-0,173	0,263	0,080
		Prinos (t/ha)	0,048	-0,318	0,305	0,092	0,033	-0,243	0,282	0,088
TR14	1	%Oklaska	0,073	-0,189	0,285	0,088	0,050	-0,215	0,228	0,083
		% Vode	0,052	-0,162	0,232	0,074	0,030	-0,200	0,221	0,069
		Prinos (t/ha)	-0,036	-0,227	0,171	0,063	-0,026	-0,217	0,137	0,068
TR15	1	%Oklaska	0,049	-0,188	0,252	0,082	0,043	-0,210	0,235	0,082
		% Vode	0,039	-0,183	0,207	0,068	-0,003	-0,162	0,185	0,059
		Prinos (t/ha)	0,019	-0,188	0,213	0,073	-0,002	-0,262	0,194	0,070
TR15	2	%Oklaska	0,055	-0,188	0,241	0,080	0,046	-0,256	0,265	0,088
		% Vode	-0,016	-0,229	0,155	0,079	-0,025	-0,318	0,199	0,077
		Prinos (t/ha)	0,039	-0,268	0,211	0,079	0,042	-0,238	0,220	0,083
TR16	1	%Oklaska	0,038	-0,160	0,238	0,070	0,047	-0,130	0,253	0,069
		% Vode	0,075	-0,224	0,271	0,086	0,066	-0,229	0,277	0,097
		Prinos (t/ha)	0,088	-0,215	0,305	0,087	0,076	-0,170	0,280	0,083
Prosjeck	n = 11	%Oklaska	0,092 a	-0,180	0,305		0,090 a	-0,194	0,298	
		% Vode	0,075 a	-0,185	0,270		0,064 a	-0,206	0,260	
		Prinos (t/ha)	0,044 a	-0,221	0,249		0,035 a	-0,209	0,222	

Razlike između setova utvrđene su prema Tukey HSD testu. Različita slova predstavljaju statistički značajne razlike pri $\alpha = 0,05$,

Najviša prosječna vrijednost r_{MP} za mješoviti set markera ostvarena je u 2. ponavljanju okoline 14N za udio oklaska u ukupnom prinosu (0,172, 1. ponavljanje=0,164) s donjom granicom od -0,172 i gornjom granicom od 0,396. Za isto svojstvo u istoj okolini i ponavljanju ostvarena je i najviša prosječna vrijednost r_{MP} za set SNP markera (0,165, 1. ponavljanje 0,143) s donjom granicom od -0,172 i gornjom granicom od 0,394. Ista prosječna vrijednost r_{MP} za set SNP markera ostvarena je i u okolini 14N u prvom ponavljanju za udio vode u zrnu (0,165, 2. ponavljanje 0,145, mješoviti set markera 0,160) s donjom granicom od -0,236 i gornjom granicom od 0,354 (Tablica 7). Najniža prosječna učinkovitost genomskih predviđanja na temelju mješovitog seta markera ostvarena je u okolini TR14 za prinos zrna (-0,036) s donjom granicom od -0,227 i gornjom granicom od 0,171. U istoj okolini, za isto svojstvo ostvarena je i najniža r_{MP} korištenjem seta SNP markera (-0,026) s donjom granicom -0,217 i gornjom granicom 0,137.

4.3. QTL analiza

QTL analiza provedena je s četiri različita seta ulaznih podataka navedena u Tablici 1. Za genomsku predviđanja ulaznih podataka korišten je set SNP markera. Sve stupnjevite QTL analize provedene su za sve godine, lokacije i ponavljanja, te prosjeke lokacija i godina i lokacija. Sume broja lokusa navedene u Tablici 8 dobivene su zbrajanjem svih lokusa sa statistički značajnim učinkom detektiranih u stupnjevitoj regresiji.

Tablica 8. Broj detektiranih lokusa ovisno o korištenom setu ulaznih podataka (**Tablica 1**).

Set podataka	% Oklaska	% Vode	Prinos (t/ha)
set 1	6	7	2
set 2	47	48	52
set 3	11	14	0
set 4	229	190	213

Relativno najmanji broj lokusa za udio oklaska u ukupnom prinosu (6) detektiran je u setu podataka bez genomskih predviđanja sa 191/179 pokusnih članova. Korištenjem mješovitog seta članova pokusa (191/179 + 85/97, set 3) detektirano je gotovo dvostruko više lokusa povezanih s

navedenim svojstvom (11). Korištenjem seta podataka sastavljenog samo od 85/97 predviđenih vrijednosti, detektirano je 47 lokusa, dok je korištenjem seta podataka za sve članove s podacima o markerima (set 4) detektirano 229 lokusa za svojstvo. Relativno najmanji broj lokusa za udio vlage u zrnu (7) detektiran je u setu podataka bez genomskih predviđanja sa 191/179 pokusnih članova. Korištenjem mješovitog seta članova pokusa (191/179 + 85/97, set 3) detektirano 14 lokusa povezanih s navedenim svojstvom. Korištenjem seta podataka sastavljenog samo od 85/97 predviđenih vrijednosti, detektirano je 48 lokusa, dok je korištenjem seta podataka za sve članove s podacima o markerima (set 4) detektirano ukupno 190 lokusa za udio vlage u zrnu. Relativno najmanji broj lokusa u setu sa 191/179 članova za sva svojstva detektiran je za prinos zrna (2). U setu 3 nije detektiran niti jedan lokus sa značajnim učinkom na fenotip. U setu 2 s 85/97 predviđenih vrijednosti, detektirano je 52 lokusa, dok je u setu 4 s isključivo predviđenim vrijednostima detektirano ukupno 213 lokusa. Relativno najviše lokusa detektirano je za udio oklaska (229), a najmanje za vlagu zrna (190), dok je za prinos detektirano 213 lokusa korištenjem genomskih predviđanja kao ulaznih podataka za stupnjevitu QTL analizu (Tablica 8).

4.3.1. QTL analiza korištenjem seta ulaznih podataka s opaženim vrijednostima (set 1)

Svaki set ulaznih fenotipskih podataka korišten za QTL analizu tretiran je kao zasebna okolina. Analiza je provedena posebno za svako ponavljanje, za svaku okolinu, za svaku lokaciju, te za sve lokacije, sve godine i sva ponavljanja. Korištenjem seta podataka s ostvarenim vrijednostima u polju (set 1) kao ulaznih podataka za QTL analizu detektirano je najviše dva lokusa (Tablica 9). Prosječno je za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio oklaska, detektirano 1,20 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti od 5,02 i prosječno 11,33% opisane varijance detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 0,45, LOD vrijednosti 1,85 i opisane varijance 3,86%. Prosječno je za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio vode u zrnu, detektirano 1,17 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti od 4,75 i prosječno 10,77% opisane varijance detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 0,41, LOD vrijednosti 1,68 i opisane varijance 3,52%. Dva lokusa povezana s prinosom zrna detektirana su samo u prvom ponavljanju okoline TR15, Ukupni LOD vrijednost stupnjevite regresije s pretpostavkom aditivnog modela bio je 7,59, a udio opisane varijance 16,71%. Broj detektiranih lokusa za sva svojstva u svim okolinama i ponavljanjima u kojima su detektirani

lokusi značajnog učinka bio je 1 ili 2, lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu detektirani su u 5 okolina, za udio vode u zrnu u 6 okolina, a za prinos zrna u 1 okolini (Tablica 9).

Tablica 9. Rezultati analize varijance lokusa detektiranih stupnjevitom regresijom korištenjem seta 1 ulaznih podataka (Tablica 1).

Okolina	Svojstvo	Izvor variranja	df	Varijanca	Ukupni LOD	% var	P (Chi2)	P (F)
14Na	Okl. (%)	Model	2	36,30	8,23	17,99	***	***
		Greška	188	1,76				
14Na	Vod. (%)	Model	2	17,28	8,08	17,70	***	***
		Greška	188	0,85				
14Nb	Vod. (%)	Model	1	18,76	4,72	10,75	***	***
		Greška	189	0,82				
14N (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	17,85	4,45	10,17	***	***
		Greška	189	0,83				
14Ha	Vod. (%)	Model	1	20,66	3,91	9,00	***	***
		Greška	189	1,11				
14Hb	Vod. (%)	Model	1	9,85	3,76	8,66	***	***
		Greška	189	0,55				
1415OS (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	10,18	3,62	8,35	***	***
		Greška	189	0,59				
14TR	Okl. (%)	Model	1	107,66	4,72	10,75	***	***
		Greška	189	4,73				
15TRa	Prin. (t/ha)	Model	2	132,33	7,59	16,71	***	***
		Greška	188	7,01				
15TR (prosjeak)	Okl. (%)	Model	1	44,94	3,60	8,30	***	***
		Greška	189	2,63				
TR sve (prosjeak)	Okl. (%)	Model	1	36,89	4,63	10,56	***	***
		Greška	189	1,65				
Sve (prosjeak)	Okl. (%)	Model	1	21,71	3,93	9,05	***	***
		Greška	189	1,15				
n = 5	Okl. (%)		1,2		5,02	11,33		
n = 6	Vod. (%)	prosjeak	1,17		4,75	10,77		
n = 1	Prin. (t/ha)		2		7,59	16,71		
n = 5	Okl. (%)		0,45		1,85	3,86		
n = 6	Vod. (%)	St.dev	0,41		1,68	3,52		
n = 1	Prin. (t/ha)		n.a		n.a	n.a		

* predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,05$, ** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,01$, *** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,001$ Statističke značajnosti utvrđene su na temelju χ^2 i Fisherovog F testa.

4.3.2. QTL analiza sa setom podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima genotipova bez opaženih podataka o fenotipu (set 2)

Analiza je provedena posebno za svako ponavljanje, za svaku okolinu, za svaku lokaciju, te za sve lokacije, sve godine i sva ponavljanja. Korištenjem seta podataka sastavljenog od isključivo predviđenih vrijednosti genotipova koji nisu praćeni u polju (Set 2) kao ulaznih podataka za QTL analizu detektirano je najviše 6 lokusa za jedno svojstvo u jednoj okolini ili ponavljanju (Tablica 10). Prosječno je za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio oklaska, detektirano 2,50 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti modela od 11,44 i prosječno 41,23% varijance opisane detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 1,82, LOD vrijednosti 7,86 i opisane varijance 19,78%. Za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio vode u zrnu, detektirano je prosječno 2,67 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti modela od 13,75 i prosječno 48,54% varijance opisane detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa za udio vode u zrnu bila je 1,37, LOD vrijednosti 6,42 i opisane varijance 16,91%. Za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za prinos zrna, detektirano je prosječno 3,47 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti modela od 16,26 i prosječno 52,6% varijance opisane detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa za prinos zrna bila je 1,81, LOD vrijednosti 8,85 i opisane varijance 19,90%. Najmanji broj lokusa značajnog učinka na udio oklaska u ukupnom prinosu (1) detektiran je u okolinama 14Na, 14N(prosjek), 14Hb, 1415OS, 14TR, 1415SVE, 16OSb i 16OS (prosjek), a najveći (6) u okolinama 15TR (prosjek) i 16OSa. Najmanji broj lokusa značajnog učinka na udio vode u zrnu (1) detektiran je u okolinama 14N (prosjek), 14H (prosjek), 14TR, 1415TR, 16TR, a najveći (5) u prosjeku svih okolina iz 2016. godine (16 sve (prosjek)). Najmanji broj lokusa statistički značajnog učinka na prinos zrna (1) detektiran je u okolini 14H (prosjek) i prosjeku svih okolina 2014. i 2015. godine na lokaciji Osijek (1415OS), a najveći (6) u okolinama 1415TR, 15TR i 16OSb. Lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu detektirani su u 18 okolina, za udio vode u zrnu u 18 okolina, a za prinos zrna u 15 okolina (Tablica 10).

Tablica 10. Rezultati analize varijance lokusa detektiranih stupnjevitom regresijom korištenjem seta 2 ulaznih podataka (Tablica 1).

Okolina	Svojstvo	Izvor variranja	df	Varijanca	LOD	% var	P (Chi2)	P (F)
14Na	Okl. (%)	Model	1	4,27	4,01	19,54	***	***
		Greška	83	0,21				
14Na	Vod. (%)	Model	4	1,95	21,57	68,92	***	***
		Greška	80	0,04				
14Na	Prin. (t/ha)	Model	5	0,04	18,62	63,54	***	***
		Greška	79	0,00				
14Nb	Okl. (%)	Model	2	3,31	8,34	36,34	***	***
		Greška	82	0,14				
14Nb	Vod. (%)	Model	2	2,30	12,14	48,20	***	***
		Greška	82	0,06				
14N (prosjeak)	Okl. (%)	Model	1	4,10	4,51	21,70	***	***
		Greška	83	0,18				
14N (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	3,68	8,25	36,05	***	***
		Greška	83	0,08				
14Ha	Okl. (%)	Model	3	2,47	11,53	46,45	***	***
		Greška	81	0,11				
14Ha	Vod. (%)	Model	2	1,74	10,78	44,23	***	***
		Greška	82	0,05				
14Hb	Okl. (%)	Model	1	3,65	4,14	20,08	***	***
		Greška	83	0,18				
14Hb	Vod. (%)	Model	4	0,44	17,03	60,26	***	***
		Greška	80	0,01				
14Hb	Prin. (t/ha)	Model	2	2,34	7,93	34,94	***	***
		Greška	82	0,11				
14H (prosjeak)	Okl. (%)	Model	3	2,55	12,23	48,45	***	***
		Greška	81	0,10				
14H (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	1,47	6,58	30,00	***	***
		Greška	83	0,04				
14H (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	1	1,94	4,16	20,17	***	***
		Greška	83	0,09				
15OS	Okl. (%)	Model	3	3,39	11,25	45,65	***	***
		Greška	81	0,15				
15OS	Vod. (%)	Model	4	0,11	18,40	63,11	***	***
		Greška	80	0,00				
1415OS	Okl. (%)	Model	1	3,55	4,88	23,23	***	***
		Greška	83	0,14				
1415OS	Vod. (%)	Model	2	1,15	11,84	47,35	***	***
		Greška	82	0,03				

1415OS	Prin. (t/ha)	Model	1	0,72	4,53	21,78	***	***
		Greška	83	0,03				
14TR	Okł. (%)	Model	1	3,16	6,30	28,91	***	***
		Greška	83	0,09				
14TR	Vod. (%)	Model	1	1,98	4,02	19,59	***	***
		Greška	83	0,1,				
14TR	Prin. (t/ha)	Model	2	0,00	7,57	33,64	***	***
		Greška	82	0,00				
15TRa	Okł. (%)	Model	5	0,67	23,43	71,90	***	***
		Greška	79	0,02				
15TRa	Vod. (%)	Model	3	0,00	17,57	61,39	***	***
		Greška	81	0,00				
15TRa	Prin. (t/ha)	Model	3	0,00	14,27	53,83	***	***
		Greška	81	0,00				
15TRb	Okł. (%)	Model	2	1,44	11,43	46,17	***	***
		Greška	82	0,04				
15TRb	Vod. (%)	Model	4	0,00	25,76	75,23	***	***
		Greška	80	0,00				
15TRb	Prin. (t/ha)	Model	5	1,94	23,56	72,10	***	***
		Greška	79	0,05				
15TR (prosjeak)	Okł. (%)	Model	6	0,58	27,15	77,02	***	***
		Greška	78	0,01				
15TR (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	6	0,44	27,90	77,94	***	***
		Greška	78	0,01				
1415TR (prosjeak)	Okł. (%)	Model	5	0,67	21,10	68,13	***	***
		Greška	79	0,02				
1415TR (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	0,22	4,03	19,60	***	***
		Greška	83	0,01				
1415TR (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	6	0,19	27,90	77,95	***	***
		Greška	78	0,00				
1415 sve (prosjeak)	Okł. (%)	Model	1	2,45	5,41	25,41	***	***
		Greška	83	0,09				
1415 sve (prosjeak)	Vod. (%)	Model	2	0,65	12,40	48,91	***	***
		Greška	82	0,02				
1415 sve (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	2	0,35	9,29	39,54	***	***
		Greška	82	0,01				
16OSa	Okł. (%)	Model	6	0,02	26,50	71,58	***	***
		Greška	90	0,00				
16OSa	Vod. (%)	Model	4	0,13	18,61	58,67	***	***
		Greška	92	0,00				
16OSa	Prin. (t/ha)	Model	4	0,00	20,95	63,01	***	***
		Greška	92	0,00				
16OSb	Okł. (%)	Model	1	1,91	5,73	23,81	***	***

		Greška	95	0,06				
16OSb	Vod. (%)	Model	3	0,25	14,45	49,65	***	***
		Greška	93	0,01				
16OSb	Prin. (t/ha)	Model	6	0,33	31,14	77,20	***	***
		Greška	90	0,01				
16OS (prosjeak)	Okł. (%)	Model	1	0,60	5,73	23,80	***	***
		Greška	95	0,02				
16OS (prosjeak)	Vod. (%)	Model	4	0,14	16,88	55,12	***	***
		Greška	92	0,01				
16OS (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	3	0,10	14,02	48,60	***	***
		Greška	93	0,00				
16TR	Okł. (%)	Model	3	2,44	18,46	58,38	***	***
		Greška	93	0,06				
16TR	Vod. (%)	Model	1	0,31	5,60	23,36	***	***
		Greška	95	0,01				
16TR	Prin. (t/ha)	Model	4	2,55	20,40	62,03	***	***
		Greška	92	0,07				
16 sve (prosjeak)	Okł. (%)	Model	2	0,85	12,20	43,96	***	***
		Greška	94	0,02				
16 sve (prosjeak)	Vod. (%)	Model	5	0,12	21,57	64,09	***	***
		Greška	91	0,00				
16 sve (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	2	0,45	11,71	42,66	***	***
		Greška	94	0,01				
n = 18	Okł. (%)		2,50		11,44	41,23		
n = 18	Vod. (%)	prosjeak	2,67		13,75	48,54		
n = 15	Prin. (t/ha)		3,47		16,26	52,60		
n = 18	Okł. (%)		1,82		7,86	19,78		
n = 18	Vod. (%)	St.dev	1,37		6,42	16,91		
n = 15	Prin. (t/ha)		1,81		8,85	19,90		

* predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,05$, ** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,01$, *** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,001$, Statističke značajnosti utvrđene su na temelju χ^2 i Fisherovog F testa.

4.3.3. QTL analiza korištenjem združenih setova podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima genotipova bez opaženih podataka o fenotipu i vrijednostima genotipova koji su praćeni u polju (set 3)

Korištenjem mješovitog seta podataka kao ulaznih podataka za QTL analizu, detektirano je najviše 4 lokusa za jedno svojstvo (udio vlage u zrnu, prosjek svih okolina, Tablica 11). Prosječno za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu detektirano je 2,20 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti od 10,05 i prosječno 15,31% opisane varijance. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 0,84, za LOD vrijednost 3,65 i 5,20% za udio opisane varijance detektiranim lokusima. Prosječno za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio vode u zrnu je detektirano 2,00 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti od 9,80 i prosječno 14,96% opisane varijance. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 1, za LOD vrijednost 3,41 i 4,82% za udio varijance opisane detektiranim lokusima. Korištenjem seta 3 ulaznih podataka, za prinos zrna nije detektiran niti jedan lokus statistički značajnog učinka na fenotip. Lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu detektirani su u 5 okolina, za udio vode u zrnu u 7 okolina, a za prinos zrna niti u jednoj okolini (Tablica 11).

Tablica 11. Rezultati analize varijance lokusa detektiranih stupnjevitom regresijom korištenjem seta 3 ulaznih podataka (Tablica 1).

Okolina	Svojstvo	Izvor variranja	df	Varijanca	LOD	% var	<i>P</i> (Chi2)	<i>P</i> (F)
14Na	Okl. (%)	Model	3	28,51	13,44	20,09	***	***
		Greška	272	1,25				
14Na	Vod. (%)	Model	2	18,13	11,56	17,55	***	***
		Greška	273	0,62				
14Nb	Okl. (%)	Model	2	26,37	8,59	13,35	***	***
		Greška	273	1,25				
14Nb	Vod. (%)	Model	1	20,99	7,26	11,40	***	***
		Greška	274	0,60				
14N (prosjeak)	Okl. (%)	Model	3	26,22	13,68	20,41	***	***
		Greška	272	1,13				
14N (prosjeak)	Vod. (%)	Model	2	15,87	11,24	17,10	***	***
		Greška	273	0,56				
14Ha	Vod. (%)	Model	2	16,63	9,04	14,00	***	***
		Greška	273	0,75				
14H (prosjeak)	Vod. (%)	Model	1	12,14	4,70	7,54	***	***
		Greška	274	0,54				
15OS	Okl. (%)	Model	2	30,51	9,61	14,81	***	***
		Greška	273	1,29				
1415OS	Vod. (%)	Model	2	9,17	9,37	14,47	***	***
		Greška	273	0,40				
14TR	Okl. (%)	Model	1	79,78	4,92	7,88	***	***
		Greška	274	3,41				
Sve	Vod. (%)	Model	4	4,62	15,41	22,67	***	***
		Greška	271	0,23				
n = 5	Okl. (%)	prosjeak	2,20		10,05	15,31		
n = 7	Vod. (%)		2,00		9,80	14,96		
n = 5	Okl. (%)	St.dev	0,84		3,65	5,20		
n = 7	Vod. (%)		1,00		3,41	4,82		

* predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,05$, ** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,01$, *** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,001$, Statističke značajnosti utvrđene su na temelju χ^2 i Fisherovog *F* testa.

4.3.4. QTL analiza sa setom podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima svih genotipova s dostupnim podacima genotipizacije (set 4)

Korištenjem seta podataka sastavljenog od isključivo predviđenih vrijednosti genotipova za koje su bili dostupni podaci genotipizacije (Set 4) kao ulaznih podataka za QTL analizu detektirano je najviše 14 lokusa za jedno svojstvo u jednoj okolini ili ponavljanju (Tablica 12). Prosječno je za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio oklaska, detektirano 9,50 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti modela od 59,73 i prosječno 62,24% varijance opisane detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa bila je 2,14, LOD vrijednosti 13,49 i opisane varijance 7,82%. Za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za udio vode u zrnu korištenjem seta 4 ulaznih podataka, detektirano je prosječno 11,45 lokusa s prosječnom LOD vrijednosti modela od 76,14 i prosječno 71,76% varijance opisane lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa za udio vode u zrnu bila je 1,54, LOD vrijednosti 6,83 i opisane varijance 3,19%. Za sve okoline u kojima su detektirani lokusi za prinos zrna, detektirano je prosječno 10,65 lokusa s prosječnim LOD vrijednosti modela od 71,32 i prosječno 68,27% varijance opisane detektiranim lokusima. Standardna devijacija broja detektiranih lokusa za prinos zrna bila je 1,79, LOD vrijednosti 18,09 i opisane varijance 9,19%. Najmanji broj lokusa značajnog učinka na udio oklaska u ukupnom prinosu (6) detektiran je u okolini OS sve (prosjeak), a najveći (14) u okolini 15TR (prosjeak). Najmanji broj lokusa značajnog učinka na udio vode u zrnu (9) detektiran je u okolini 16OS (prosjeak), a najveći (14) u okolini 14Nb. Najmanji broj lokusa statistički značajnog učinka na prinos zrna (7) detektiran je u okolinama 14Hb i 15OS, a najveći (13) u okolinama 16OS (prosjeak) i 15TRa. Lokusi statistički značajnog učinka za sva analizirana svojstva detektirani su u svih 20 analiziranih okolina (Tablica 12).

Tablica 12. Rezultati analize varijance lokusa detektiranih stupnjevitom regresijom korištenjem seta 4 ulaznih podataka (Tablica 1).

Okolina	Svojtstvo	Izvor variranja	df	Varijanca	LOD	% var	P (Chi2)	P (F)
14Na	Okl. (%)	Model	9	7,35	56,24	60,87	***	***
		Greška	266	0,16				
14Na	Vod. (%)	Model	10	2,92	71,16	69,50	***	***
		Greška	265	0,05				
14Na	Prin. (t/ha)	Model	12	0,08	69,33	68,55	***	***
		Greška	263	0,00				
14Nb	Okl. (%)	Model	9	7,04	51,68	57,78	***	***
		Greška	266	0,17				
14Nb	Vod. (%)	Model	14	0,66	81,46	74,31	***	***
		Greška	261	0,01				
14Nb	Prin. (t/ha)	Model	9	3,64	47,02	54,36	***	***
		Greška	266	0,10				
14N (prosjeak)	Okl. (%)	Model	10	6,10	57,87	61,92	***	***
		Greška	265	0,14				
14N (prosjeak)	Vod. (%)	Model	12	1,35	74,64	71,22	***	***
		Greška	263	0,02				
14N (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	9	1,06	45,73	53,37	***	***
		Greška	266	0,03				
14Ha	Okl. (%)	Model	8	8,01	56,66	61,15	***	***
		Greška	267	0,15				
14Ha	Vod. (%)	Model	11	1,91	66,88	67,24	***	***
		Greška	264	0,04				
14Ha	Prin. (t/ha)	Model	9	2,54	50,81	57,16	***	***
		Greška	266	0,06				
14Hb	Okl. (%)	Model	7	8,47	45,16	52,93	***	***
		Greška	268	0,20				
14Hb	Vod. (%)	Model	13	1,96	78,25	72,90	***	***
		Greška	262	0,04				
14Hb	Prin. (t/ha)	Model	7	3,01	49,20	56,00	***	***
		Greška	268	0,06				
14H (prosjeak)	Okl. (%)	Model	7	8,48	50,27	56,78	***	***
		Greška	268	0,17				
14H (prosjeak)	Vod. (%)	Model	12	1,91	75,18	71,47	***	***
		Greška	263	0,03				
14H (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	11	1,65	63,51	65,34	***	***
		Greška	264	0,04				
15OS	Okl. (%)	Model	7	8,14	45,43	53,14	***	***
		Greška	268	0,19				

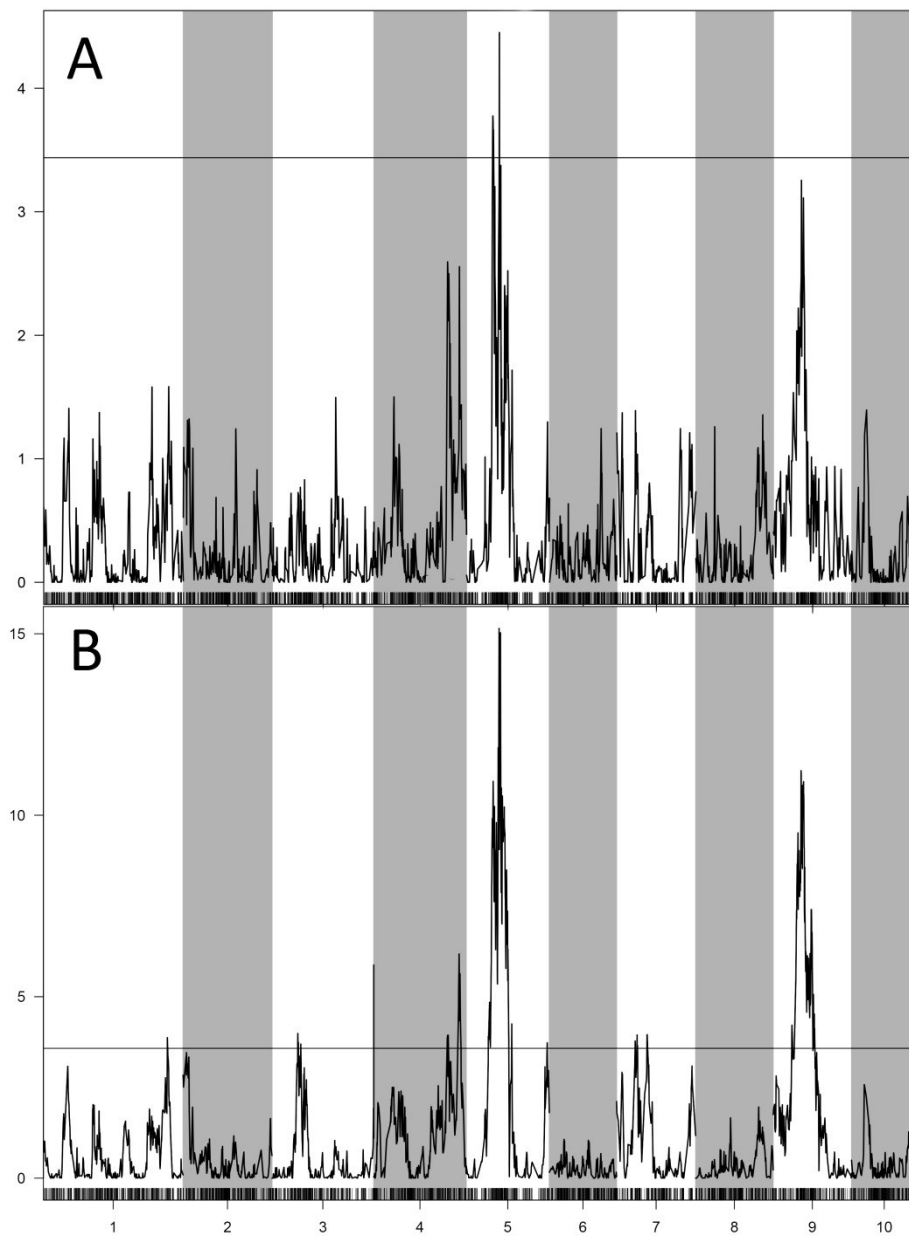
15OS	Vod. (%)	Model	12	0,22	78,93	73,20	***	***
		Greška	263	0,00				
15OS	Prin. (t/ha)	Model	7	3,98	52,39	58,28	***	***
		Greška	268	0,07				
1415OS	Okł. (%)	Model	8	6,38	47,90	55,03	***	***
		Greška	267	0,16				
1415OS	Vod. (%)	Model	10	1,26	68,50	68,11	***	***
		Greška	265	0,02				
1415OS	Prin. (t/ha)	Model	12	0,83	65,55	66,5	***	***
		Greška	263	0,02				
16OSa	Okł. (%)	Model	12	0,03	70,03	68,91	***	***
		Greška	263	0,00				
16OSa	Vod. (%)	Model	10	0,24	72,96	70,40	***	***
		Greška	265	0,00				
16OSa	Prin. (t/ha)	Model	11	0,00	84,58	75,62	***	***
		Greška	264	0,00				
16OSb	Okł. (%)	Model	9	1,96	49,51	56,22	***	***
		Greška	266	0,05				
16OSb	Vod. (%)	Model	10	0,45	81,67	74,40	***	***
		Greška	265	0,01				
16OSb	Prin. (t/ha)	Model	12	0,68	101,18	81,51	***	***
		Greška	263	0,01				
16OS (prosjeak)	Okł. (%)	Model	9	0,63	51,58	57,71	***	***
		Greška	266	0,02				
16OS (prosjeak)	Vod. (%)	Model	9	0,32	74,89	71,34	***	***
		Greška	266	0,00				
16OS (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	13	0,16	105,07	82,68	***	***
		Greška	262	0,00				
OS sve (prosjeak)	Okł. (%)	Model	6	4,50	39,93	48,64	***	***
		Greška	269	0,11				
Os sve (prosjeak)	Vod. (%)	Model	10	0,83	71,17	69,50	***	***
		Greška	265	0,01				
Os sve (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	12	0,49	66,04	66,78	***	***
		Greška	263	0,01				
14TR	Okł. (%)	Model	12	3,38	67,37	67,51	***	***
		Greška	263	0,07				
14TR	Vod. (%)	Model	13	2,61	79,76	73,57	***	***
		Greška	262	0,05				
14TR	Prin. (t/ha)	Model	9	0,00	64,52	65,92	***	***
		Greška	266	0,00				
15TRa	Okł. (%)	Model	13	1,17	77,45	72,54	***	***
		Greška	262	0,02				
15TRa	Vod. (%)	Model	14	0,00	86,79	76,50	***	***

		Greška	261	0,00				
15TRa	Prin. (t/ha)	Model	13	0,01	84,59	75,62	***	***
		Greška	262	0,00				
15TRb	Okł. (%)	Model	11	1,74	76,27	71,99	***	***
		Greška	264	0,03				
15TRb	Vod. (%)	Model	12	0,00	91,84	78,40	***	***
		Greška	263	0,00				
15TRb	Prin. (t/ha)	Model	12	2,92	87,50	76,78	***	***
		Greška	263	0,04				
15TR (prosjeak)	Okł. (%)	Model	14	1,11	94,99	79,50	***	***
		Greška	261	0,02				
15TR (prosjeak)	Vod. (%)	Model	10	0,00	74,61	71,20	***	***
		Greška	265	0,00				
15TR (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	11	0,79	85,86	76,13	***	***
		Greška	264	0,01				
1415TR (prosjeak)	Okł. (%)	Model	9	1,65	59,60	63,01	***	***
		Greška	266	0,03				
1415TR (prosjeak)	Vod. (%)	Model	11	0,33	72,24	70,04	***	***
		Greška	264	0,01				
1415TR (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	11	0,35	86,84	76,52	***	***
		Greška	264	0,00				
16TR	Okł. (%)	Model	9	3,31	69,59	68,69	***	***
		Greška	266	0,05				
16TR	Vod. (%)	Model	10	0,38	62,42	64,71	***	***
		Greška	265	0,01				
16TR	Prin. (t/ha)	Model	10	4,06	65,96	66,73	***	***
		Greška	265	0,08				
TR sve (prosjeak)	Okł. (%)	Model	11	1,24	67,94	67,81	***	***
		Greška	264	0,02				
TR sve (prosjeak)	Vod. (%)	Model	13	0,20	78,51	73,02	***	***
		Greška	262	0,00				
TR sve (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	12	0,47	89,09	77,38	***	***
		Greška	263	0,01				
sve (prosjeak)	Okł. (%)	Model	10	2,36	59,09	62,69	***	***
		Greška	265	0,05				
sve (prosjeak)	Vod. (%)	Model	13	0,40	80,93	74,09	***	***
		Greška	262	0,01				
sve (prosjeak)	Prin. (t/ha)	Model	11	0,31	61,63	64,24	***	***
		Greška	264	0,01				
			<hr/>					
n = 20	Okł. (%)		9,50		59,73	62,24		
	Vod. (%)	prosjeak	11,45		76,14	71,76		
	Prin. (t/ha)		10,65		71,32	68,27		
	Okł. (%)	St.dev	2,14		13,49	7,82		

Vod. (%)	1,54	6,83	3,19
Prin. (t/ha)	1,79	18,09	9,19

* predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,05$, ** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,01$, *** predstavlja statističku značajnost pri $\alpha = 0,001$, Statističke značajnosti utvrđene su na temelju χ^2 i Fisherovog F testa.

lokusi između setova podataka s detektiranim i predviđenim vrijednostima uglavnom su se preklapali, s razlikom da je mogućnost za uočavanje QTL-a u setu s predviđenim vrijednostima porasla, kao i vrijednosti izglednosti za proglašenje lokusa značajnog učinka. Primjer rezultata inicijalne analize (prije provedbe stupnjevite regresije) vidljiv je na Slici 3.



Slika 3. Lokusi kartirani prije stupnjevite regresije za udio vode u zrnju u okolini OS14N korištenjem seta opaženih vrijednosti (set 1). Granična LOD vrijednost za $\alpha = 0.05$ izračunata na temelju 1000 permutacija bila je 3.44 (**A**); lokusi kartirani prije stupnjevite regresije za udio vode u zrnju u okolini OS14N korištenjem seta predviđenih vrijednosti (set 4). Granična LOD vrijednost za $\alpha = 0.05$ izračunata na temelju 1000 permutacija bila je 3.57 (**B**)

4.3.5. Pozicije i LOD vrijednosti pojedinih lokusa detektiranih korištenjem seta podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima svih genotipova s dostupnim podacima genotipizacije (set 4)

Tablice 13, 14 i 15 predstavljaju analizu prosjeka ponavljanja za svaku okolinu, te prosjeka okolina i godina. Rezultati analize po ponavljanjima za svaku okolinu, aditivni efekti pojedinih detektiranih lokusa, te rezultati statističke analize za svaki lokus nalaze se u Prilogu 2. Analizom pojedinih lokusa za udio oklaska u ukupnom prinosu zrna u okolini 14N utvrđeno je postojanje lokusa značajnog učinka na fenotip na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 5, 6, 8 i 9(2). Vrijednosti LOD vrijednosti za svojstvo varirale su od 4,13 do 15,88. Najviša LOD vrijednost (15,88) ostvarena je na 1. kromosomu u regiji 1,04, na poziciji 401,2 cM (*bnlg2086*) (Tablica 13). Lijevi dodirni marker na razmaku od 1,5 LOD vrijednosti bio je *bnlg2295*, a desni *csu3*. Na 1. kromosomu detektiran je još jedan lokus s LOD vrijednosti >10 (10,08) u regiji 1,07, s centralnim markerom *npi447a*. U okolini 14H detektirani su lokusi značajnog utjecaja na udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1, 4, 5(2), 7 i 9(2). Ostvarene su LOD vrijednosti za svojstvo u rasponu od 7,86 do 18,72 (Tablica 13). Najviša LOD vrijednost (18,72) ostvarena je na 9. kromosomu, u regiji 9,05, na poziciji 320,6 (*umc95*) s lijevim dodirnim markerom *umc2121* i desnim *umc140b*. U okolini OS15 detektirani su lokusi značajnog utjecaja na udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 4, 5, 8 i 9(2). Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 5,30 do 14,55. Najviša LOD vrijednost (14,55) zabilježena je na 8. kromosomu, u regiji 8,03, poziciji 231,2 cM (*umc1470*) s dodirnim markerima *umc1415* i *umc2355* (Tablica 13). U prosjeku svih okolina na lokaciji Osijek za 2014. i 2015. godinu detektirani su lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 5 i 9(2). Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 4,79 do 13,27. Najviša LOD vrijednost (13,27) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 230,6 cM (*csu623*) s dodirnim markerima *umc1599* i *umc1191* (Tablica 13). U okolini 16OS detektirani su lokusi značajnog utjecaja na udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1, 2, 3, 4(2), 5, 6 i 8. Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 5,29 do 11,92. Najviša LOD vrijednost (11,92) zabilježena je na 1. kromosomu, u regiji 1,07, poziciji 711,5 cM (*umc1128*) s dodirnim markerima *mmp173* s lijeva i *umc1147* s desna (Tablica 13). U prosjeku svih okolina na lokaciji Osijek (OS sve) detektirani su lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 4, 5 i 9(2). Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 6,10 do 11,99. Najviša LOD vrijednost (11,99) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,04, poziciji 320,2 cM

(*bnl8.17*) s dodirnim markerima *umc20* s lijeva i *chr125a* s desna. Analizom pojedinih lokusa za udio oklaska u ukupnom prinosu zrna u okolini 14TR na lokaciji AY utvrđeno je postojanje lokusa značajnog učinka na fenotip na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9(2) i 10. LOD vrijednosti za svojstvo varirale su od 3,84 do 13,95. Najviša LOD vrijednost (13,95) ostvarena je na 10. kromosomu u regiji 10,04, na poziciji 260,5 cM (*mgs1*) (Tablica 13). Lijevi dodirni marker na 1,5 LOD vrijednosti razmaka bio je *AY109920*, a desni *jpsb527d*. U okolini 15TR detektirani su lokusi značajnog utjecaja na udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 2(2), 3(2), 4, 5(2), 7, 8, 9(2) i 10. Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 5,25 do 20,18. Najviša LOD vrijednost (20,18) zabilježena je na 7. kromosomu, u regiji 7,02, poziciji 187,8 cM (*vef101a*) s dodirnim markerima *bnlg2233* s lijeva i *bnlg1792* s desna. U prosjeku okolina na lokaciji Ayvalik za 2014. i 2015. godinu (1415TR) detektirani su lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 2(2), 5, 7, 8, 9 i 10. Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 4,41 do 12,12. Najviša LOD vrijednost (12,12) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,04, poziciji 328,5 cM (*bnlg2323*) s dodirnim markerima *lim4* s lijeva i *AY110906* s desna. U okolini 16TR detektirani su lokusi značajnog utjecaja na udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 2(2), 3, 4, 5(2), 8 i 9(2). Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 4,43 do 21,67, Najviša LOD vrijednost (21,67) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,04, poziciji 257,6 cM (*umc1267*) s dodirnim markerima *AW257883* i *lim166*. U analizi prosjeka svih okolina na lokaciji Ayvalik (TR sve) detektirani su lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1, 2, 4, 5(2), 7, 8, 9(2) i 10. Raspon ostvarenih LOD vrijednosti bio je od 4,03 do 17,41. Najviša LOD vrijednost (17,41) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 230,6 cM (*csu623*) s dodirnim markerima *bnl5,10* s lijeva i *umc1271* s desna. Analizom prosjeka svih okolina u istraživanju (Sve) detektirani su lokusi za udio oklaska u ukupnom prinosu na kromosomima 1(2), 2, 4(2), 5, 6, 8 i 9(2). Raspon ostvarenih LOD vrijednosti za svojstvo bio je od 4,38 do 14,97. Najviša LOD vrijednost (14,97) zabilježena je na 1. kromosomu, u regiji 1,04, poziciji 401,2 cM (*bnlg2086*) s dodirnim markerima *bnlg2295* s lijeve strane i *csu3* s desne strane.

Tablica 13. Rezultati stupnjevite QTL analize i pozicije detektiranog QTL-aznačajnog utjecaja na udio oklaska po okolinama, lokacijama i godinama, te za prosjek svih okolina, lokacija i godina na temelju ulaznih podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima (set 4).

Okolina	Naziv detektiranog QTL-a ^a	Regija	Marker	LOD	Lijevi dodirni marker ^b	Desni dodirni marker
14N	1@401,2	1,04	bnlg2086	15,88	bnlg2295	csu3
	1@720,3	1,07	npi447a	10,08	umc1147	AY110313
	2@314,4	2,04	umc1861	4,57	AY109603	bnlg121
	3@579,5	3,07	umc1825	4,13	umc1404	umc17a
	4@332,4	4,06	umc2284	7,03	mmp140	mmp74
	5@328,5	5,04	bnlg2323	11,01	lim4	mmp19
	6@510,6	6,07	bnlg1740	4,30	umc1350	AY109996
	8@231,2	8,03	umc1470	4,42	umc2354	AY110032
	9@320,2	9,04	bnl8,17	12,61	umc1599	umc1078
9@528,9	9,06	bnl14,28a	8,94	AY110141	isu49	
14H	1@401,3	1,04	umc2112	12,53	bnlg2295	lim497
	4@332,4	4,06	umc2284	8,76	php20597a	mmp74
	5@189,8	5,02	bnlg1879	8,38	bcd1072a(hsp70)	umc2293
	5@328,5	5,04	bnlg2323	12,69	lim4	AY110906
	7@408,4	7,04	umc2330	7,86	psr135a	asg32
	9@320,6	9,05	umc95	18,72	umc2121	umc140b
	9@528,9	9,06	bnl14,28a	8,63	AY110141	isu49
15OS	1@170	1,02	bnlg1953	5,30	umc1568	npi403b
	1@401,2	1,04	bnlg2086	8,09	bnlg2295	csu3
	4@584,5	4,09	nfd107	6,31	nfd106	umc1854
	5@328,5	5,04	bnlg2323	5,90	umc1747	mmp19
	8@231,2	8,03	umc1470	14,55	umc1415	umc2355
	9@24,3	9,01	umc1867	8,08	umc1370	lim343
	9@230,6	9,03	csu623	9,17	psr160d	bnl7,13a
1415OS	1@401,3	1,04	umc2112	13,00	bnlg2295	lim497
	1@685,2	1,07	lim442	5,66	umc23a	AY110313
	2@313,5	2,04	umc2030	4,79	mmp91	bnlg121
	3@579,5	3,07	umc1825	5,26	umc1404	umc17a
	4@332,4	4,06	umc2284	4,84	umc1791	rz273a(ant)
	5@328,5	5,04	bnlg2323	9,57	lim4	AY110906
	9@230,6	9,03	csu623	13,27	umc1599	umc1191
	9@528,9	9,06	bnl14,28a	11,57	AY109819	isu49
16OS	1@711,5	1,07	umc1128	11,92	mmp173	umc1147
	2@575,4	2,08	isu91b	7,78	mmp188	psr144c
	3@358,3	3,05	sps2	7,12	umc2265	umc1973
	4@349,8	4,06	umc2027	6,11	mmp45	mpik3

	4@536,9	4,08	AY110989	6,42	umc15a	umc2135
	5@493,7	5,06	umc51a	6,53	umc1752	bnlg609
	6@71,5	6,01	umc2311	10,59	AY110100	bnlg1371
	6@247,8	6,05	chr117d	8,10	umc2319	csu481
	8@194,1	8,03	mmp72	5,29	umc1530	umc1607
OS sve	1@401,2	1,04	bnlg2086	10,17	bnlg2295	lim497
	1@726,1	1,08	umc37a	6,10	umc1128	AY110313
	4@332,4	4,06	umc2284	7,78	mmp190	mmp74
	5@328,5	5,04	bnlg2323	11,44	lim4	mmp19
	9@320,2	9,04	bnl8,17	11,99	umc20	chr125a
	9@528,9	9,06	bnl14,28a	7,73	nfd104d	isu49
	1@131,8	1,02	mmp171b	8,65	mmp68	php20640
14TR	1@401,3	1,04	umc2112	10,11	bnlg2295	csu3
	2@591,5	2,09	umc49a	10,58	umc1516	umc1256
	3@193,1	3,04	bnlg1638	9,84	umc2117	mmp36
	4@298,9	4,05	mmp140	10,42	umc1511	mmp45
	5@219,2	5,03	bnl7,56	10,02	umc1686	umc1557
	6@153,7	6,02	sbp3	3,84	psr129b	rz476d
	7@405,5	7,03	umc1301	4,90	npi394	umc1251
	8@367	8,05	bnlg162	5,04	ufg74	hda103
	9@24,3	9,01	umc1867	11,00	bnlg2122	lim343
	9@385,3	9,05	umc2343	10,48	rz574b(cwp)	npi427a
	10@260,5	10,04	mgs1	13,95	AY109920	jpsb527d
	15TR	1@401,3	1,04	umc2112	5,25	asg75
1@735,2		1,08	AY110313	13,06	bcd386a	AY110191
2@344,4		2,05	umc1581	11,49	umc1454	AW681281
2@416,6		2,07	mmp177b	7,67	bcd926b	umc1890
3@31,8		3,01	mmp158a	6,14	umc1394	mmp38
3@127,8		3,03	umc2258	5,60	asg24a(gts)	mmp79
4@522,1		4,08	ssu1	5,49	umc2285	mmp178
5@217,8		5,03	umc1597	6,89	mbd109	csu340
5@331,4		5,04	npi449a	12,03	umc1747	mmp19
7@187,8		7,02	vef101a	20,18	bnlg2233	bnlg1792
8@216,9		8,03	umc1910	7,71	cdol160a(kri)	umc2355
9@219,4		9,03	umc2338	16,41	psr160d	psr160c
9@500,1		9,06	bnl5,09a	5,86	nfd104d	AY110141
10@260,5	10,04	mgs1	5,70	umc64a	ufg28a	
1415TR	1@398,2	1,04	bnlg2295	11,07	bnl9,11b(lts)	csu3
	1@722,3	1,07	AY110159	11,00	bcd386a	AY110313
	2@316,7	2,04	umc2088	10,24	umc2030	bnlg121
	2@411,4	2,07	php20005	5,87	umc2178	nfc104b
	5@328,5	5,04	bnlg2323	12,12	lim4	AY110906
	7@249,1	7,02	umc1929	10,82	AY109968	umc1787

	8@136,8	8,02	AY106269	5,81	umc1304	mmp72
	9@386,8	9,05	npi427a	4,41	rz273c(ant)	npi443
	10@251,6	10,04	mmp16	11,02	umc1246	umc1836
16TR	2@82,3	2,02	AY109603	6,63	umc1265	umc1961
	2@354,6	2,05	csu1080b	8,59	psr666	umc1028
	3@361,1	3,05	csu636	14,07	sps2	umc1973
	4@536,9	4,08	AY110989	8,92	umc2187	umc2135
	5@279,1	5,03	umc2297	4,43	umc1315	phi109188
	5@310	5,04	umc2299	8,46	umc40	bnlg1208
	8@206,7	8,03	chr126a	6,43	mmp72	cdo202e(mcf)
	9@257,6	9,04	umc1267	21,67	AW257883	lim166
	9@354,4	9,05	mmp179	8,27	bnl8,17	ufg47
TR sve	1@401,3	1,04	umc2112	11,89	umc2229	csu3
	1@720,9	1,07	phi002	6,66	AY110356	AY110313
	2@314,4	2,04	umc1861	5,25	umc1259	AY110410
	4@544,1	4,08	umc2135	4,03	AY110573	AY110231
	5@216,3	5,03	bnlg1046	6,53	mbd109	umc1048
	5@338	5,04	AY105029	13,68	umc1747	csu302
	7@244,3	7,02	umc1983	5,58	bnlg1380	umc1787
	8@216,9	8,03	umc1910	5,07	umc1530	umc2355
	9@230,6	9,03	csu623	17,41	bnl5,10	umc1271
	9@504,6	9,06	mmp110	9,90	nfd104d	AY110141
10@260,5	10,04	mgs1	6,28	umc1246	jpsb527d	
Sve	1@401,2	1,04	bnlg2086	14,97	bnlg2295	csu3
	1@718,5	1,07	bnlg1564	9,99	umc1147	AY110313
	2@313,5	2,04	umc2030	5,08	mmp91	sdg102a
	4@332,4	4,06	umc2284	8,94	php20597a	mmp74
	4@619,4	4,09	umc2287	4,76	bnlg2244	AY110231
	5@328,5	5,04	bnlg2323	12,87	lim4	rz476b
	6@513,8	6,07	umc62	5,29	umc1350	npi561
	8@228,6	8,03	umc1415	4,38	umc2354	AY110032
	9@320,2	9,04	bnl8,17	14,52	umc38c	umc1078
9@500,1	9,06	bnl5,09a	7,64	nfd104d	umc1789	

^a Naziv QTL-a predstavlja kromosom @ pozicija markera s najvišom LOD vrijednosti u cM

^b Na temelju 1,5 LOD vrijednosti

Analizom pojedinih lokusa za udio vode u zrnu utvrđeno je postojanje lokusa značajnog učinka na fenotip na kromosomima 1(2), 2, 3(2), 4(2), 5(2), 7, 8 i 9 u okolini 14N (Tablica 14). Najniža ostvarena LOD vrijednost za svojstvo iznosila je 4,25, a najviša 23,25. Najviša LOD vrijednost za udio vode u zrnu u okolini (23,25) ostvarena je na 9. kromosomu u regiji 9,03, na poziciji 227,4. Marker s najvišom LOD vrijednosti bio je *bcd1421*, s lijevim dodirnim markerom *rz953*, i desnim *bnl5,10*. Lokusi za udio vode u zrnu u okolini 14H detektirani su na kromosomima 1, 2, 3(2), 4, 5(2), 6(2), 7, 8 i 9. LOD vrijednosti lokusa varirale su između 4,43 i 18,86. Najviša LOD vrijednost (18,86) ostvarena je na 5. kromosomu, regiji 5,03, na poziciji 266,3 (*bnl6,10*), s lijevim dodirnim markerom *ufg49* i desnim *mmp8*. U okolini OS15, za udio vode u zrnu, lokusi su detektirani na kromosomima 1, 2(2), 3(2), 4, 5(2), 6, 7, 9 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,77 do 22,57. Najviša LOD vrijednost (22,57) zabilježena je na 3. kromosomu, u regiji 3,04, poziciji 259,4 (*umc10a*) s lijevim dodirnim markerom *umc1920* i desnim *php20558a*. Za udio vode u zrnu u prosjeku okolina na lokaciji OS u 2014. i 2015. godini, lokusi su detektirani na kromosomima 1, 2, 3(2), 4, 5(2), 7, 8 i 9. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,36 do 15,75. Najviša LOD vrijednost (15,75) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 227,4 (*bcd1421*) s lijevim dodirnim markerom *rz953* i desnim *bnl5,10*. U okolini 16OS, za udio vode u zrnu, lokusi su detektirani na kromosomima 1(2), 2, 4(2), 5(2), 6 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,61 do 28,36. Najviša LOD vrijednost (28,36) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 230,0 cM (*bnl5,46b*) s lijevim dodirnim markerom *psr160c* i desnim *umc1599*. Za udio vode u zrnu, lokusi su detektirani na kromosomima 1(2), 2, 3, 4(2), 5, 6, 8 i 9 u prosjeku svih okolina na lokaciji OS. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,86 do 25,27. Najviša LOD vrijednost (25,27) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,03, poziciji 266,3 (*bnl6,10*) s lijevim dodirnim markerom *ufg49* i desnim *mmp8*. Analizom pojedinih lokusa za udio vode u zrnu u okolini 14TR utvrđeno je postojanje lokusa značajnog učinka na fenotip na kromosomima 1(2), 3(2), 4(2), 5, 6(2), 7, 8(2) i 9. Najniža ostvarena LOD vrijednost za svojstvo iznosila je 4,08, a najviša 29,31. Najviša LOD vrijednost za udio vlage u zrnu u okolini 14N (29,31) ostvarena je na 5. kromosomu u regiji 5,03, na poziciji 219,2 (*bnl7,56*) s lijevim dodirnim markerom *umc1597*, i desnim *csu340*. U okolini 15TR, za udio vode u zrnu, lokusi su detektirani na kromosomima 1(2), 2, 3, 4(2), 5, 6, 7, i 9. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,70 do 23,41. Najviša LOD vrijednost (23,41) zabilježena je na 7. kromosomu, u regiji 7,03, poziciji 351,4 cM (*umc1660*) s lijevim dodirnim markerom *AY110374* i desnim

npi389. Za udio vode u zrnu u prosjeku okolina na lokaciji Ayvalik za 2014. i 2015. godinu (1415TR), lokusi su detektirani na kromosomima 1(2), 3(2), 4, 5, 6(2), 7, i 8(2). LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,84 do 27,65. Najviša LOD vrijednost (27,65) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,03, poziciji 219,2 (*bnl7,56*) s lijevim dodirnim markerom *bnlg1046* i desnim *csu340*. U okolini 16TR, za udio vode u zrnu, lokusi su detektirani na kromosomima 1(2), 2(2), 4(2), 5, 6, 9 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,76 do 16,93. Najviša LOD vrijednost za udio vode u zrnu (16,93) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 216,2 (*psr160d*) s lijevim dodirnim markerom *mmp170b* i desnim *umc2338*. U prosjeku svih okolina na lokaciji AY (TR sve), lokusi za udio vode u zrnu su detektirani na kromosomima 1, 3(2), 4(2), 5(2), 6(2), 8(2) i 9(2). LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,05 do 24,81. Najviša LOD vrijednost (24,81) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,03, poziciji 219,2 (*bnl7,56*) s lijevim dodirnim markerom *cdo795b* i desnim *csu340*. Korištenjem prosjeka svih okolina kao ulaznih podataka, lokusi za udio vode u zrnu su detektirani na kromosomima 1(2), 2, 4(2), 5(2), 6, 7, 8, 9(2) i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 3,75 do 19,70. Najviša LOD vrijednost (19,70) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,03, poziciji 210,3 (*umc1686*) s lijevim dodirnim markerom *mbd109* i desnim *cdo795b*.

Tablica 14. Rezultati stupnjevite QTL analize i pozicije lokusa značajnog utjecaja na udio vode u zrnju po okolinama, lokacijama i godinama, te za prosjek svih okolina, lokacija i godina na temelju ulaznih podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima (set 4).

Okolina	Naziv detektiranog QTL-a ^a	Regija	Marker	LOD	Lijevi dodirni marker ^b	Desni dodirni marker
14N	1@425,2	1,05	mmp39	4,88	umc2229	AI855190
	1@1010,2	1,11	umc1421	7,90	AY110426	umc2241
	2@47,4	2,02	umc1165	8,61	phi96100	umc53a
	3@212,7	3,04	mmc0312	8,91	mmp36	mmp29
	3@517	3,06	asg7b	5,45	php15033	umc3b
	4@158,8	4,03	umc2280	6,12	rz53b	AY110573
	4@595,7	4,09	umc1854	8,89	nfd107	chb102
	5@267,7	5,03	umc1935	14,14	ufg49	mmp8
	5@328,5	5,03	umc2226	7,20	umc1976	umc1976
	7@252,4	7,02	umc1787	6,68	mmp135	mmp135
	8@608,1	8,09	umc1663	4,25	lim301	umc1638
9@227,4	9,03	bcd1421	23,25	rz953	bnl5,10	
14H	1@1010,2	1,11	umc1421	10,86	mmp195g	hon110
	2@3,1	2,00	umc2246	6,65	AY110535	AY109692
	3@226,9	3,04	bnlg1816	5,13	mmp144	umc1900
	3@520,7	3,07	bnl6,16a	7,83	AY111125	umc3b
	4@536,9	4,08	AY110989	9,79	AY105971	rz596b
	5@266,3	5,03	bnl6,10	18,86	ufg49	mmp8
	5@328,5	5,04	bnlg2323	7,83	–	–
	6@96	6,01	uck1	4,43	–	–
	6@228,9	6,04	umc2006	5,24	–	–
	7@252,4	7,02	umc1787	5,50	umc1983	umc5b
	8@506,8	8,07	bnlg1828	7,10	umc1268	mmp146
9@227,4	9,03	bcd1421	16,82	rz273c(ant)	bnl5,10	
15OS	1@320,9	1,04	mmp56	13,21	umc2145	umc2124
	2@342,4	2,05	umc131	7,81	umc2125	umc2110
	2@409,3	2,07	bcd926b	5,77	umc1108	umc2129
	3@259,4	3,04	umc10a	22,57	umc1920	php20558a
	3@313,4	3,05	bnlg1035	7,93	rz296b	AY110352
	4@205	4,03	wip2	7,00	rz53b	gpc1
	5@404,9	5,05	umc1264	11,72	ufg18	umc2303
	5@660,1	5,08	umc104b	10,74	AY105910	rz446b
	6@277,1	6,05	umc1413	10,56	AI665560	umc1114
	7@285,4	7,02	cdo412b	10,67	ufg65	umc1713
	9@251,8	9,03	umc1700	9,46	umc1688	rz682
10@244,6	10,04	umc2348	20,57	umc64a	umc1995	

1415OS	1@1010,2	1,11	umc1421	8,05	umc1553	umc2241
	2@3,1	2	umc2246	7,81	AY110535	AY109692
	3@228,2	3,04	umc1504	9,14	mmc0132	umc1900
	3@511,5	3,06	bnlg197	6,21	lim269	umc3b
	4@598,6	4,09	mmp24	8,85	nfd107	mmp94
	5@267,7	5,03	umc1935	13,79	umc1315	mmp8
	5@328,5	5,04	bnlg2323	6,27	–	–
	7@258,4	7,02	umc1393	8,29	umc1929	umc5b
	8@540,3	8,08	umc1933	5,36	umc1005	mmp146
9@227,4	9,03	bcd1421	15,75	rz953	bnl5,10	
16OS	1@183,8	1,02	npi403b	11,48	bnlg1953	umc76a
	1@927,9	1,1	npi282b	7,53	mmp83	lim39
	2@316,7	2,04	umc2088	7,89	umc1259	hrg1
	4@250,8	4,05	umc2061	14,35	sdg108a	gpc1
	4@603,3	4,09	asg22	5,61	umc1346	mmp94
	5@222,5	5,03	csu340	16,04	bnl7,56	psr544
	5@467,2	5,05	AY110063	9,10	mmp104	umc126a
	6@98	6,01	umc2074	7,67	psr160a	ufg69
	9@230	9,03	bnl5,46b	28,36	psr160c	umc1599
Os sve	1@199,7	1,03	ufg78	7,65	umc76a	cdo1387b(emp70)
	1@1010,2	1,11	umc1421	5,61	umc1676	umc2241
	2@3,1	2	umc2246	5,40	AY110535	AY109692
	3@228,2	3,04	umc1504	8,96	mmc0132	umc1223
	4@158,8	4,03	umc2280	6,15	AY110253	AY110573
	4@598,6	4,09	mmp24	9,35	nfd107	mmp94
	5@266,3	5,03	bnl6,10	25,27	ufg49	mmp8
	6@86,3	6,01	rz390d(cyb5)	4,86	umc1229	rz444e
	8@504,3	8,07	lim301	6,83	umc1268	umc1673
9@227,4	9,03	bcd1421	24,28	rz953	php20052	
14TR	1@160,6	1,02	umc1976	10,92	php20640	umc2226
	1@473,8	1,05	umc1601	8,61	umc1903	umc1603
	3@145,3	3,03	mmp186	8,68	mmp79	asg48
	3@732,5	3,09	jpsb443	9,39	jpsb107c	umc2152
	4@174,6	4,03	umc2176	4,42	umc1943	umc1902
	4@466,1	4,08	bnl10,05	7,98	bnlg1444	bnlg2162
	5@219,2	5,03	bnl7,56	29,31	umc1597	csu340
	6@99	6,01	umc2056	9,84	php20528	mmp160
	6@167,6	6,03	AY104775	7,20	umc2316	umc65a
7@246,3	7,02	umc2142	4,08	AY110576	umc1713	
8@216,2	8,03	umc2354	11,94	cdo1160a(kri)	mmp195f	
8@546,9	8,08	umc1673	10,47	umc1933	npi107	
9@28,8	9,01	php10005	4,92	npi253a	lim343	
15TR	1@166	1,02	mmp135	7,15	lim504	bnlg1953

	1@377,2	1,04	isu041b	7,01	AY110330	ufg43
	2@315,5	2,04	umc8b	5,70	umc1259	bnlg121
	3@299,2	3,05	umc1174	8,29	umc102	umc1600
	4@297,4	4,05	psr128	19,92	umc2283	mmp140
	4@603,3	4,09	asg22	10,36	mmp134	chb102
	5@307	5,04	umc2298	10,24	bnl4,36	rz87(clp)
	6@302	6,05	umc1388	17,57	npi560	mmp62
	7@351,4	7,03	umc1660	23,41	AY110374	npi389
	9@227,4	9,03	bcd1421	12,81	gpm6	mmp2
	1@160,6	1,02	umc1976	11,49	lim504	umc2226
	1@471,7	1,05	umc1395	6,41	umc1676	umc1812
	3@145,3	3,03	mmp186	7,60	umc2259	asg48
	3@732,5	3,09	jpsb443	7,01	jpsb107c	bnlg1536
	4@466,1	4,08	bnl10,05	6,86	gol1	npi570
1415TR	5@219,2	5,03	bnl7,56	27,65	bnlg1046	csu340
	6@99	6,01	umc2056	9,83	php20528	mmp160
	6@167,6	6,03	AY104775	8,43	umc2316	umc65a
	7@252,9	7,02	umc2092	4,84	umc1983	mmc0411
	8@216,2	8,03	umc2354	11,72	cdo1160a(kri)	mmp195f
	8@546,9	8,08	umc1673	10,14	umc1005	npi107
	1@377,2	1,04	isu041b	5,30	ndp2	ufg43
	1@669,8	1,07	dmt103c	4,76	php20855	AY110160
	2@30,9	2	umc2245	5,33	AY110535	npi254a
	2@446,9	2,07	rz474c(dnaj)	4,79	AY110410	AY109722
	4@249,7	4,04	sdg108a	8,00	agrr301	gpc1
16TR	4@294,4	4,05	umc2283	10,18	bnl15,45	umc1791
	5@310,2	5,04	mmp60	7,86	bnl4,36	umc1990
	6@545,8	6,08	cdo345c	8,81	umc2324	cdo202a(mcf)
	9@216,2	9,03	psr160d	16,93	mmp170b	umc2338
	10@184,7	10,03	uaz116	10,88	umc1962	ufg30a
	1@160,6	1,02	umc1976	15,72	lim504	umc2226
	3@139,3	3,03	mmp79	7,88	umc2259	asg48
	3@747	3,09	umc2008	7,89	umc2152	npi457
	4@147,1	4,03	adh2	10,49	csu235	AY110253
	4@510	4,08	AY110631	5,54	bnl7,65	umc2187
	5@219,2	5,03	bnl7,56	24,81	cdo795b	csu340
TR sve	5@328,5	5,04	bnlg2323	5,05	bnl4,36	AY110906
	6@86,9	6,01	cdo545	8,01	bnl6,29a	uaz232b(sci)
	6@191,3	6,04	rz476d	5,96	umc2316	npi223a
	8@284,6	8,03	umc1457	11,16	AY109626	phi121
	8@546,9	8,08	umc1673	11,32	umc1933	AY110053
	9@200,4	9,03	AY109816	7,90	hon104a	rz273c(ant)
	9@536,8	9,07	phi448880	6,36	mmp110	AY109543

	1@165,8	1,02	umc2226	9,30	lim504	bnlg1127
	1@920,1	1,1	rz630a(sat)	6,98	mmp172	lim99a
	2@3,1	2	umc2246	5,81	AY110535	AY109692
	4@536,9	4,08	AY110989	9,36	umc158	umc2135
	4@692,1	4,1	umc2288	4,52	umc124b(chk)	AY109668
	5@210,3	5,03	umc1686	19,70	mbd109	cdo795b
Sve	5@310,2	5,04	mmp60	14,14	bnl4,36	rz87(clp)
	6@228,9	6,04	umc2006	3,75	gta107b	umc2317
	7@249,1	7,02	umc1929	7,20	umc1983	umc258
	8@524,6	8,08	AY109593	7,62	umc1268	umc1933
	9@196,4	9,03	AY109570	5,58	umc1634	umc1586
	9@244,1	9,03	umc1691	9,03	umc1271	umc1688
	10@522,6	10,07	isu53b	4,14	umc2126	csu48

^a Naziv QTL-a predstavlja kromosom @ pozicija markera s najvišom LOD vrijednosti u cM

^b Na temelju 1,5 LOD vrijednosti

Lokusi za prinos zrna u okolini 14N detektirani su na kromosomima 1, 2(2), 3, 4, 5, 6(2) i 9. LOD vrijednosti varirale su između 4,49 i 11,32 (Tablica 15). Najviša LOD vrijednost ostvarena je na kromosomu 6. u regiji 6,04, na poziciji 211,5 (*pl1*) s lijevim dodirnim markerom *umc1857* i desnim *umc2006*. Lokusi za prinos zrna u okolini 14H detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 5, 6, 7(2), 9 i 10. LOD vrijednosti varirale su između 5,50 i 19,96. Najviša LOD vrijednost zabilježena je na 1. kromosomu u regiji 1,08, na poziciji 813,6 (*rz474b(dnaj)*) s lijevim dodirnim markerom *cdj2* i desnim *ufg53*. Na istom kromosomu u regiji 1,06 na poziciji 555,8 (*umc1919*) ostvarena je druga najviša LOD vrijednost za svojstvo (18,94). Lokusi za prinos zrna u okolini OS15 detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 4, 6, 7 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,49 do 14,08. Najviša LOD vrijednost (14,08) zabilježena je na 1. kromosomu, u regiji 1,05, poziciji 453,5 (*umc2231*) s lijevim dodirnim markerom *rz323a* i desnim *rs2*. Lokusi za prinos zrna u prosjeku svih okolina na lokaciji OS za 2014. i 2015. godinu detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 6(2), 7(2), 9 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 5,19 do 10,39. Najviša LOD vrijednost (10,39) zabilježena je na 2. kromosomu, u regiji 2,06, poziciji 376,1 (*umc2253*) s lijevim dodirnim markerom *umc1079* i desnim *sdg119*. Lokusi za prinos zrna u okolini 16OS detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3(2), 4(2), 5, 6, 7(2), 8 i 9. LOD vrijednosti za svojstvo ostvarene su u rasponu od 4,04 do 31,03. Najviša LOD vrijednost (31,03) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 226,3 (*rz953*) s lijevim dodirnim markerom *rz273c(ant)* i desnim *bcd1421*. Lokusi za prinos zrna u prosjeku svih okolina na

lokaciji Osijek detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 6(2), 7, 8, 9 i 10(2). LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 3,75 do 13,36. Najviša LOD vrijednost (13,36) zabilježena je na 2. kromosomu, u regiji 2,06, poziciji 376,1 (*umc2253*) s lijevim dodirnim markerom *bnlg1036* i desnim *umc2254*. Lokusi za prinos zrna u okolini 14TR detektirani su na kromosomima 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 i 9. LOD vrijednosti varirale su između 4,77 i 20,97. Najviša LOD vrijednost (20,97) ostvarena je na kromosomu 2. u regiji 2,04, na poziciji 342,9 (*psr922b*) s lijevim dodirnim markerom *umc1454* i desnim *umc1922*. Lokusi za prinos zrna u okolini 15TR detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3(2), 4(2), 5, 6, 7(2), 8 i 9. LOD vrijednosti za svojstvo ostvarene su u rasponu od 4,04 do 31,03. Najviša LOD vrijednost (31,03) zabilježena je na 9. kromosomu, u regiji 9,03, poziciji 226,3 (*rz953*) s lijevim dodirnim markerom *rz273c(ant)* i desnim *bcd1421*. Lokusi za prinos zrna u prosjeku obje okoline na lokaciji Ayvalik za godine 2014. i 2015. (1415TR) detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 5(2), 6, 7 i 10(2). LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,66 do 26,66. Najviša LOD vrijednost (26,66) zabilježena je na 3. kromosomu, u regiji 3,04, poziciji 262,9 (*mmp9*) s lijevim dodirnim markerom *mmp29* i desnim *umc1683*. Lokusi za prinos zrna u okolini 16TR detektirani su na kromosomima 1(2), 2(2), 3, 4, 5, 7, 9 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 3,73 do 19,10. Najviša LOD vrijednost (19,10) zabilježena je na 5. kromosomu, u regiji 5,03, poziciji 269,1 (*mmp8*) s lijevim dodirnim markerom *umc1935* i desnim *rz242b*. Lokusi za prinos zrna u prosjeku svih okolina na lokaciji Ayvalik detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 3, 4, 6(2), 7, 8, 9 i 10(2). LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 3,57 do 20,45. Najviša LOD vrijednost (20,45) zabilježena je na 3. kromosomu, u regiji 3,04, poziciji 260,1 (*php20558a*) s lijevim dodirnim markerom *umc2263* i desnim *mmp9*. Lokusi za prinos zrna u prosjeku svih okolina detektirani su na kromosomima 1(2), 2, 4, 5, 6(2), 7, 8, 9 i 10. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 3,88 do 22,38. Najviša LOD vrijednost (22,38) ostvarena je na 10. kromosomu, u regiji 10,04, poziciji 274,4 (*umc1453*) s lijevim dodirnim markerom *incw3* i desnim *asg2*.

Tablica 15. Rezultati stupnjevite QTL analize i pozicije lokusa značajnog utjecaja na prinos zrna po okolinama, lokacijama i godinama, te za prosjek svih okolina, lokacija i godina na temelju ulaznih podataka s predviđenim fenotipskim vrijednostima (set 4).

Okolina	Naziv detektiranog QTL-a ^a	Regija	Marker	LOD	Lijevi dodirni marker ^b	Desni dodirni marker
14N	1@720,9	1,07	phi002	7,06	bcd207a	lim254
	2@377,4	2,06	umc2178	10,33	bnlg1036	sdg119
	2@520,5	2,08	phi435417	5,04	AY109583	bnlg1316
	3@752,1	3,09	bnlg1536	5,05	lim182	AY110567
	4@463,3	4,08	gol1	5,10	asg27a	AY105971
	5@321	5,04	umc1747	4,49	mmp60	umc1482
	6@211,5	6,04	pl1	11,32	umc1857	umc2006
	6@400,3	6,06	bcd738a(pgk)	7,01	umc1762	AY104923
	9@392,5	9,05	ufg24	4,80	npi427a	umc2134
14H	1@555,8	1,06	umc1919	18,94	umc1748	bnlg1615
	1@813,6	1,08	rz474b(dnaj)	19,96	cdj2	ufg53
	2@373,5	2,06	bnlg1036	5,50	bnlg1831	sdg119
	3@361,1	3,05	csu636	7,28	umc2265	AI770873
	4@462,5	4,08	bnlg1444	5,66	asg27a	bnlg2244
	5@321	5,04	umc1747	5,98	umc2302	bnlg2323
	6@212,5	6,04	gta107b	6,69	umc1857	umc2006
	7@69,1	7,01	AY104465	7,32	bnlg2132	php20581a(tb)
	7@195,6	7,02	lim333	7,36	bnlg2203	umc1932
	9@392,5	9,05	ufg24	7,22	AY110217	ufg75c
10@299,4	10,04	umc1272	8,73	incw3	umc1930	
15OS	1@16,5	1,01	umc1566	4,49	tub1	bn15,62a
	1@453,5	1,05	umc2231	14,08	rz323a	rs2
	2@154,6	2,02	umc1261	6,30	myb5	AY106040
	4@230,4	4,04	jpsb527b	9,21	npi386a(eks)	gpc1
	6@385,8	6,06	umc38a	10,57	mmp150	umc1912
	7@384,4	7,03	umc2329	12,23	bnlg2271	umc1888
	10@277,2	10,04	asg2	6,52	AY112073	AY109698
1415OS	1@689,7	1,07	hmga102	7,79	lim442	bcd386a
	1@924,7	1,1	vef101b	9,75	rz630a(sat)	uaz130a(tlk)
	2@376,1	2,06	umc2253	10,39	umc1079	sdg119
	3@361,1	3,05	csu636	6,64	AY111541	umc1973
	4@551	4,08	mmp178	6,07	asg27a	umc2286
	6@296,3	6,05	AY110435	9,59	umc2141	npi560
	6@373,8	6,05	bnlg1732	8,87	mmp145	umc38a
	7@53,3	7	bnlg2132	6,86	umc1426	asg8(myb)
	7@204,8	7,02	umc1932	5,19	crt2	AY109968

	9@392,5	9,05	ufg24	6,16	umc2095	umc2134
	10@251,6	10,04	mmp16	6,83	umc64a	umc1648
	10@416,6	10,06	ufg62	7,06	tip5	ufg15
	1@359,7	1,04	uaz248a(his3)	13,47	csu207	umc2227
	1@882,7	1,09	umc1082	5,49	mmp195d	umc107a(croc)
	2@240,3	2,03	sdg107	8,96	AY104214	npi607
	3@21,8	3,01	umc1394	4,04	bnl8,15	umc1892
	3@259,4	3,04	umc10a	27,38	umc1920	php20558a
16OS	4@292,9	4,05	bnl15,45	16,36	umc42a	umc1953
	4@534,8	4,08	umc1842	7,78	umc15a	mmp178
	5@294,6	5,03	hon106a	13,67	psr167	bnlg1902
	6@423	6,06	lim151	10,99	lim379	AY105728
	7@179,9	7,02	cyp6	19,10	–	–
	7@408,4	7,04	umc2330	15,79	umc1936	umc1710
	8@203,9	8,03	rz244a(dia)	13,11	AW244963	umc2354
	9@226,3	9,03	rz953	31,03	rz273c(ant)	bcd1421
	1@720,9	1,07	phi002	12,89	bnlg1564	umc37a
	1@924,7	1,1	vef101b	11,19	rz630a(sat)	lim99a
	2@376,1	2,06	umc2253	13,36	bnlg1036	umc2254
	3@159	3,04	umc59e	5,19	uaz159b	umc1425
	4@250,8	4,05	umc2061	7,08	jpsb527b	gpc1
Os sve	6@211,5	6,04	pl1	6,86	umc1857	umc2006
	6@373,8	6,05	bnlg1732	12,42	mmp145	mmp150
	7@190,4	7,02	bnlg1792	9,23	bnlg1380	AY109809
	8@432,4	8,06	umc1728	3,75	bnlg2082	bnlg1031
	9@477,2	9,06	ufg75c	7,65	csu93a	mmp168
	10@274,4	10,04	umc1453	6,53	mzetc34	umc2003
	10@442,2	10,07	agrr37c	8,77	bnl7,49a(hmd)	umc1196
	1@527,6	1,06	bnlg2057	7,56	isu146	umc2234
	2@342,9	2,04	psr922b	20,97	umc1454	umc1922
	3@279,3	3,04	umc1527	15,99	mmp9	jpsb527a
	4@331,3	4,06	mmc0371	7,84	AY110355	umc2027
14TR	5@293,1	5,03	sdg129	8,82	psr167	hon106a
	6@86,9	6,01	cdo545	13,7	php20528	uaz232b(sci)
	7@178	7,02	AY110473	4,90	crt2	umc1879
	8@337,2	8,05	hox1	4,77	phi121	chr112b
	9@361,4	9,05	ufg67	13,08	mmp179	npi427a
	1@278,1	1,03	AY110632	5,53	bnlg1458	asg62
	1@1025,7	1,11	npi241a	14,69	umc1421	umc2241
15TR	2@344,8	2,05	umc1635	10,44	hrg1	umc2110
	3@262,9	3,04	mmp9	25,90	umc1920	umc1683
	4@294,4	4,05	umc2283	6,28	mmp125	umc1702
	5@68,1	5,01	umc1260	7,18	–	–

	5@250,3	5,03	AY109606	13,91	umc1048	mmp8
	6@98	6,01	umc2074	17,14	cdo545	umc2315
	7@247,7	7,02	umc1138	12,27	umc2142	umc1393
	10@160	10,03	umc130	15,77	umc2069	npi105a
	10@254,5	10,04	AY110514	5,07	umc1345	mmp121
	1@278,1	1,03	AY110632	4,66	asg35b	php20855
	1@1025,7	1,11	npi241a	13,77	umc1421	umc2241
	2@344,8	2,05	umc1635	11,30	hrgl	umc2110
	3@262,9	3,04	mmp9	26,66	mmp29	umc1683
	4@294,4	4,05	umc2283	6,16	umc191(gpc1)	psr128
1415TR	5@90,2	5,01	AY109733	8,06	lim407	umc2036
	5@245,1	5,03	umc1557	15,64	umc1048	lim175
	6@98	6,01	umc2074	18,07	cdo545	mmp76
	7@247,7	7,02	umc1138	12,40	umc1983	umc1787
	10@160	10,03	umc130	19,50	umc2069	npi105a
	10@256,8	10,04	AY109920	4,790	umc1345	AY110365
	1@297,2	1,03	mmp151a	4,05	AY110632	ufg43
	1@440	1,05	umc1076	17,05	mmp143	mmp101
	2@274,9	2,04	umc1541	5,12	AY110266	mmp167
	2@336,4	2,04	uaz262	11,97	umc2007	umc131
16TR	3@331,3	3,05	AY111507	4,73	rz390c(cyb5)	umc1973
	4@254	4,05	gpc1	8,00	umc2061	umc2282
	5@269,1	5,03	mmp8	19,10	umc1935	rz242b
	7@122,4	7,01	o2	3,73	hda110	asg34a(msd)
	9@264,9	9,04	bnl7,13a	16,3	lim99b	lim166
	10@203	10,03	ufg59	14,43	umc2067	rps3
	1@460,6	1,05	cdo344c(rga)	10,39	AY109646	AI855190
	1@1025,7	1,11	npi241a	11,26	umc1111	umc2241
	2@273,7	2,04	umc1465	7,31	umc1326	umc1049
	3@260,1	3,04	php20558a	20,45	umc2263	mmp9
	4@294,4	4,05	umc2283	8,91	bnl15,45	psr128
	6@98,4	6,01	umc1444	13,43	rz390d(cyb5)	mir1
TR sve	6@251,7	6,05	uaz280c(ppp)	3,57	ufg11	mmp62
	7@244,3	7,02	umc1983	6,30	AY109968	umc1787
	8@369,6	8,05	umc89a	6,54	umc1263	umc2356
	9@308	9,04	umc1492	9,23	ufg73	mmp37
	10@187	10,03	sdg108b	19,63	bnlg210	jpsb527c
	10@254,5	10,04	AY110514	10,82	umc64a	jpsb527d
	1@377,2	1,04	isu041b	7,07	ufg13b	ufg43
	1@813,6	1,08	rz474b(dnaj)	8,37	cdj2	ufg53
Sve	2@247,2	2,04	npi607	6,32	phi109642	AY110266
	4@254,9	4,05	umc2282	11,77	umc1969	umc191(gpc1)
	5@74,4	5,01	bnl7,21c	4,06	umc1523	jpsb239a

6@278	6,05	bnlg2249	6,58	umc1826	pmg1
6@410,3	6,06	AY104923	8,33	umc2322	lim379
7@53,3	7	bnlg2132	4,10	gpm12	AY109968
8@203	8,03	umc2353	3,88	mmp120	hdt105
9@477,2	9,06	ufg75c	5,05	npi427a	mmp168
10@274,4	10,04	umc1453	22,38	incw3	asg2

^a Naziv QTL-a predstavlja kromosom @ pozicija markera s najvišom LOD vrijednosti u cM

^b Na temelju 1,5 LOD vrijednosti

4.3.6. Uočavanje lokusa za udio oklaska u ukupnom prinosu kroz okoline

Ponovljivost lokusa kroz okoline za sva svojstva ispitana je prebrojavanjem lokusa značajnog učinka na fenotip u Tablicama 13, 14 i 15. Aditivni efekti i potpuna analiza varijance svih opaženih lokusa nalaze se u Prilogu 2.

Lokus na kromosomu 1 regija 1,04, pozicija 398,2 (*bnlg2295*) – 401,3 (*umc2112*) cM, detektiran je u 10 okolina ili prosjeka okolina. LOD vrijednosti ostvarene su između 5,25 i 15,88 (Tablica 13). Na istom kromosomu, u regiji 1,07/1,08, na poziciji 685,2 (*lim442*) – 735,2 (*AY110159*) cM lokus sa LOD vrijednostima između 5,65 i 13,05 detektiran je u 8 okolina ili prosjeka okolina. Na 2. kromosomu u regiji 2,04/2,05, poziciji 313,5 (*umc2030*) – 354,6 (*csu1080b*) cM, lokus s LOD vrijednostima od 4,57 do 11,49, detektiran je u 7 okolina ili prosjeka okolina. U regiji 3,05 3. kromosoma, na poziciji 358,3 (*umc2265*) – 361,1 (*sps2*) cM, lokus je detektiran u 2 okoline iz 2016. godine (16OS i 16TR) s LOD vrijednostima 7,12 i 14,07. Na 4. kromosomu u regiji 4,05/4,06 na pozicijama 298 (*mmp140*) – 349,8 cM (*umc2027*) lokus je detektiran u 7 okolina na obje lokacije, s LOD vrijednostima 4,84 – 10,41. Na istom kromosomu, u regiji 4,08 detektirano je postojanje još jednog lokusa vezanog za svojstvo na poziciji 522,1 (*ssu1*) – 584,49 cM (*nfd107*). LOD vrijednosti za QTL bile su 4,02 do 8,91. Lokus na 5. kromosomu, regiji 5,04, na poziciji 310 (*umc2299*) – 338,01 cM (*AY105029*) bio je konzistentan kroz sve okoline osim 16OS. Ostvarene su LOD vrijednosti varirale između 5,89 i 13,68. Na 8. kromosomu, u regiji 8,03, na poziciji 194,1 (*mmp72*) – 231,2 cM (*umc1470*), detektiran je lokus s LOD vrijednostima 4,38 – 14,54, u 7 okolina. U dvije okoline (15TR i 15 OS) i prosjecima okolina iz 2014. i 2015. na lokaciji Osijek i svih okolina na lokaciji Ayvalik, detektiran je lokus na kromosomu 9, u regiji 9,03, s LOD vrijednostima 9,17 – 17,40, Na istom kromosomu, u regiji 9,04/9,05 lokus LOD vrijednosti 4,40 – 21,66 je detektiran na poziciji 257,6 (*umc1267*) – 386,8 cM (*npi427a*). Na 9. kromosomu, u regiji 9,06 detektiran je još jedan lokus na poziciji 500,1 (*bnl5,09a*) – 528,9 cM (*bnl14,28a*) ostvarenih LOD vrijednosti od 5,86 do 11,56, u 7 okolina i prosjeka okolina. Na 10. kromosomu, u regiji 10,04, na poziciji 251,6 (*mmp16*) – 260,5 (*mgs1*) detektiran je lokus specifičan za okoline na lokaciji Ayvalik, LOD vrijednosti 5,69 – 13,95.

4.3.7. Uočavanje lokusa za udio vode u zrnu kroz okoline

Lokus na kromosomu 1, regija 1,02, pozicija 160,6 (*umc1976*) – 183,8 (*npi403b*) cM, detektiran je u 6 okolina ili prosjeka okolina. LOD vrijednosti ostvarene su između 7,15 i 15,72 (Tablica 14). Na istom kromosomu, u regiji 1,04/1,05, na poziciji 377,2 (*isu041b*) – 425,2 (*mmp39*) cM lokus sa LOD vrijednostima između 4,88 – 7,01 detektiran je u okolinama 14N, 15TR i 16TR. Na 2. kromosomu u regiji 2,00/2,01, poziciji 3,1 (*umc2246*) – 47,4 (*umc1165*) cM, lokus s LOD vrijednostima od 5,33 – 8,61, detektiran je u 6 okolina ili prosjeka okolina. U regiji 3,03/3,04 3. kromosoma, na poziciji 139,3 (*mmp79*) – 259,4 (*umc10a*) cM, lokus s LOD vrijednostima 5,13 – 22,57 je detektiran u 8 okolina. Godine 2015. na obje lokacije, detektiran je lokus na 3. kromosomu, u regiji 3,05, na poziciji 313,4 (*bnlg1035*) i 299,2 (*umc1174*) s LOD vrijednostima 7,93 (15OS) i 8,29 (15TR). Na 4. kromosomu detektirani su lokusi u 4 regije: 4,03, 4,04/4,05, 4,08 i 4,09. U regiji 4,03 na pozicijama 147,1 (*adh2*) – 205 (*wip2*) cM, lokus je detektiran u 5 okolina na obje lokacije, s LOD vrijednostima 4,42 – 10,49, U regiji 4,04/4,05, zabilježeno je postojanje još jednog vezanog za svojstvo na poziciji 249,7 (*sdg108a*) – 297,4 (*psr128*) cM. LOD vrijednosti za QTL bile su 8 – 19,92, a lokus je zabilježen u 4 okoline. U regiji 4,08 na poziciji 466,1 (*bnl10,05*) – 536,9 (*AY11089*) cM, lokus je detektiran u 5 okolina na obje lokacije, s LOD vrijednostima 5,54 – 9,79. U regiji 4,09 na poziciji 595,7 (*umc1854*) – 603,3 (*asg22*) cM, lokus je detektiran u 5 okolina na obje lokacije, s LOD vrijednostima 5,61 – 10,36. Na 5. kromosomu u regiji 5,03 ostvarene su vrlo visoke izglednosti za postojanje lokusa povezanog sa sadržajem vode u zrnu. Lokus je kartiran na 210,3 (*umc1686*) – 267,7 (*umc1935*) cM s LOD vrijednostima 13,79 – 29,31, u 9 okolina i prosjeka okolina. Na istom kromosomu detektiran je još jedan lokus u regiji 5,04, na poziciji 307 (*umc2298*) – 328,5 (*bnlg2323*) cM. LOD vrijednosti bile su od 5,05 do 14,14, Na 6. kromosomu, detektiran je lokus u 6 okolina i prosjeka okolina u regiji 6,01, na poziciji 86,3 (*rz390d(cyb5)*) – 99 (*umc2056*) cM. LOD vrijednosti za lokus ostvarene su u rasponu od 4,43 do 9,84. Na 7. kromosomu u regiji 7,02, detektiran je lokus na poziciji 246,3 (*umc2142*) – 285,4 (*cdo412b*) cM u 7 okolina i prosjeka okolina. LOD vrijednosti za lokus ostvarene su u rasponu od 4,08 do 10,67. Na 8. kromosomu u regiji 8,08, detektiran je lokus na poziciji 524,6 (*AY109593*) – 546,9 (*umc1673*) cM u 5 okolina i prosjeka okolina. LOD vrijednosti za lokus ostvarene su u rasponu od 5,36 – 11,32. Na 9. kromosomu u regiji 9,03, detektiran je lokus na poziciji 196,4 (*AY109570*) – 230 (*bnl5,46b*) cM u 9 okolina i prosjeka

okolina. LOD vrijednosti za lokus ostvarene su u rasponu od 5,58 – 28,36. Na 10. kromosomu nisu detektirani lokusi za svojstvo detektirani u više od jedne okoline ili prosjeka okolina.

4.3.8. Uočavanje lokusa za prinos zrna kroz okoline

Na 1. kromosomu, u regiji 1,03, na poziciji 278,1 (*AY110632*) – 297,2 (*mmp151a*) cM, detektiran je lokus povezan sa prinosom zrna, tipičan za okoline na lokaciji Ayvalik (15TR, 1415TR i 16TR) s LOD vrijednostima ostvarenim u rasponu od 4,05 do 5,53 (Tablica 15). Na istom kromosomu, u regiji 1,05, na poziciji 440 (*umc1076*) – 460,6 (*cdo344c(rga)*) cM, lokus s LOD vrijednostima od 10,39 – 17,05 detektiran je u okolinama 15OS, 16TR i prosjeku svih okolina na lokaciji Ayvalik (TR sve). U regiji 2,04/2,05 2. kromosoma, opažen je lokus na poziciji 336,4 (*uaz262*) – 344,8 (*umc1635*) ostvarenih LOD vrijednosti 10,44 do 20,47 u 3 okoline (14TR, 15TR i 16TR) i prosjeku okolina na lokaciji Ayvalik (1415TR). Na istom kromosomu, u regiji 2,06, u 4 okoline ili prosjeka okolina na lokaciji OS detektiran je lokus na poziciji 373,5 (*bnlg1036*) – 377,4 (*umc2178*). Ostvarene LOD vrijednosti lokusa bile su 5,5 do 13,36, Na 3. kromosomu, u regiji 3,04, na poziciji 259,4 (*umc10a*) – 279,3 (*umc1527*) cM, ostvarene su vrlo visoke LOD vrijednosti za prinos zrna u pet okolina s rasponom od 15,99 do 27,38. Na 4. kromosomu, u regiji 4,05 na poziciji 292,9 (*bnl15,45*) – 294,4 (*umc2283*) cM u 4 okoline ili prosjeka okolina, detektiran je lokus za svojstvo specifičan za okoline na lokaciji Ayvalik s LOD vrijednostima 6,16 – 16,36. U regiji 5,03 5. kromosoma, na poziciji 245,1 (*umc1557*) – 294,6 (*hon106a*) cM, u 4 okoline i 1 prosjeku okolina, detektiran je lokus ostvarenih LOD vrijednosti 8,82 – 15,64. U okolinama 14TR i 15TR, te prosjecima okolina na lokaciji Ayvalik 1415TR i TR sve, detektiran je lokus na kromosomu 6, regiji 6,01, poziciji 86,9 (*cdo545*) – 98,4 (*umc1444*) cM. Ostvarene su LOD vrijednosti u rasponu od 13,7 – 18,07. Na 9. kromosomu u regiji 9,05, na poziciji 361,4 (*ufg67*) – 392,5 (*ufg24*) lokus je detektiran u 4 okoline. LOD vrijednosti ostvarene su u rasponu od 4,8 do 13,08. Na 10. kromosomu u regiji 10,04, u 7 okolina ili prosjeka okolina detektiran je lokus na poziciji 251,6 (*mmp16*) – 277,1 (*asg2*) cM. LOD vrijednosti su ostvarene u rasponu od 4,79 do 22,38.

5. Rasprava

5.1. Meteorološki i agronomski podatci

U okolinama s dovoljno vode i toplinskih jedinica tijekom vegetacije, hibridi kukuruza kasnijih skupina zrenja imaju viši potencijal rodnosti u odnosu na hibride kraće vegetacije (Hicks i sur., 1991). Uzrok tomu je negativan utjecaj visokih temperatura na enzime uključene u proces nalijevanja zrna (Wilhelm i sur., 1999). Hibridi ranijih skupina zrenja u okolinama u kojima su prisutne vrlo visoke temperature tijekom vegetacije ulaze u fazu nalijevanja zrna tijekom srpnja kada su temperature vrlo visoke, pa stoga hibridi kasnijih skupina zrenja u odnosu na njih posjeduju komparativnu prednost. U sušnim i vrućim uvjetima prisutnim tijekom vegetacijske sezone na lokaciji AY (Tablica 2), najčešće uzgajane skupine kukuruza su FAO600 do FAO800 prema vlazi u berbi (Marton i sur., 2004). Testkrižanci IBM populacije korišteni u ovom istraživanju ostvarili su prilikom berbe 10 do 20 % nižu vlagu u berbi u odnosu na hibride tipične za Turske okoline (podatci nisu prikazani), čime se svrstavaju među hibride kratke vegetacije za navedenu okolinu. U okolinama na lokaciji OS, navedeni hibridi predstavljaju srednje kasnu skupinu FAO500 (Svečnjak i sur., 2012). Deficit tlaka pare (VPD) predstavlja funkciju temperature i vlažnosti zraka. Visoke vrijednosti VPD-a potiču neproduktivnu transpiraciju i gubitak vode iz tla, što dovodi do smanjenja prinosa (Gholipoor i sur., 2013, Ray i sur., 2002). Većina germplazme kukuruza korištene na Srednjem Zapadu SAD-a nije genetski prilagođena snižavanju transpiracije pri povišenom VPD-u, a oplemenjivački napor usmjereni su prema tom cilju tek od nedavno (Lobell i sur., 2014). Komponente VPD-a, relativna vlažnost zraka i temperatura zraka povezane su sa bržim sušenjem zrna (Hallauer, 1960), pa je stoga očekivano da je sadržaj vlage ostvaren na okolinama s višim vrijednostima VPD-a niži u odnosu na okoline s višim vrijednostima (Tablica 3). U provedenom istraživanju, VPD u srpnju i kolovozu bio je negativno povezan s prinosom zrna i udjelom vode u zrnu, a pozitivno s udjelom oklaska u ukupnom prinosu (Tablica 4).

Heritabilnost prinosa zrna bila je umjerena u okolinama na obje lokacije (Tablica 3) i u skladu s očekivanim vrijednostima (Hallauer i sur., 2010). Udio oklaska u ukupnom prinosu je svojstvo visoke heritabilnosti (Xiao i sur., 2016). Visoka heritabilnost za udio oklaska u ukupnom prinosu ostvarena je na lokaciji OS, dok je u AY okolinama ostvarena umjerena heritabilnost za svojstvo

zbog veće okolinske varijance. Udio vode u zrnu je svojstvo umjerene do visoke heritabilnosti (Lian i sur., 2014). Umjerena do visoka heritabilnost u provedenom istraživanju ostvarena je u okolinama na lokaciji OS, dok je uslijed povećane okolinske varijance za svojstvo, heritabilnost u okolinama na lokaciji AY bila niža (Tablica 3).

5.2. Genomska predviđanja

Vrijednosti relativne učinkovitosti genomske selekcije (r_{MP}) bile su niske za svojstva udio vode u zrnu i prinos zrna u usporedbi s drugim istraživanjima (Zyomo i Bernardo, 2013, Lian i sur., 2014), premda u istraživanju Zyomo i Bernardo (2013) nije korištena validacija vrijednosti iterativnim postupkom nego unakrsna validacija s pet izvlačenja. U takvoj validaciji, set podataka se podijeli na 5 podskupova i 4 podskupa se koriste za predviđanje jednog preostalog podskupa. Za vrijednosti predviđenog podskupa se izračunava korelacijski koeficijent (Kohavi, 1995), a r_{MP} vrijednost predstavlja prosjek svih korelacija dobivenih dijeljenjem osnovnog seta podataka. Vrijednosti r_{MP} ostvarene ovim načinom validacije više su u odnosu na validaciju velikim brojem ciklusa zbog smanjenja vjerojatnosti za ostvarivanje ekstremnih vrijednosti (Tablica 5). Osnovni uzrok smanjene učinkovitosti genomske selekcije u provedenom istraživanju bilo je korištenje test-križanaca (hibrida) s linijom suprotne genetske osnove u odnosu na inbred linije *per se* korištene u drugim istraživanjima. U materijalu uske genetske osnove nije moguće uračunati djelovanje epistaze (Yu i Bernardo, 2004), a sama genetska varijanca testkrižanaca je smanjena (Bernardo i Nyquist, 1998). Epistatičko djelovanje gena penalizirano je u rrBLUP modelu, pa stoga nije moglo biti niti adekvatno pribrojeno učincima markera. Korištenjem genetski raznovrsnijeg materijala moguće je povećati učinkovitost genomskih predviđanja (Massman i sur., 2013). Autori su analizirali učinak genomske selekcije kod 14 pojedinačnih populacija, te ustanovili da se korištenjem različitih populacija ostvaruju različite učinkovitosti za prinos zrna i sadržaj vode u zrnu, u rasponu od -0,30 do 0,36. IBM populacija predstavlja usku genetsku osnovu dviju elitnih linija, što može biti jedan od uzroka niskih ostvarenih vrijednosti r_{MP} usporedivih s rezultatima navedenog istraživanja (Tablica 5). Također, mali relativni udio genotipske varijance u ukupnoj varijanci za svojstvo može biti uzrok niskoj učinkovitosti genomskih predviđanja s obzirom na to da su vrijednosti pridružene markerima u rrBLUP modelu jednake vrijednosti ostvarenih genetskih veza ili genotipske varijance (Endelman, 2011).

Između fenotipskih vrijednosti izračunatih na temelju dva seta markera detektirane su vrlo visoke, statistički značajne korelacije (Tablica 6). Za vrijednosti r_{MP} ostvarene korištenjem dvaju različitih setova detektirane su male razlike (Tablica 7). Uzrok minimalnim razlikama u r_{MP} između setova mogu biti razlike u nedostajućim vrijednostima genotipova na različitim pozicijama različitih setova markera, s obzirom na to da u niti jednom od korištenih setova nije provedena imputacija. Imputacija može povećati učinkovitost genomske predviđanja kada se koristi na GBS podacima (Crossa i sur., 2013), kao i na podacima dobivenim korištenjem drugih molekularnih metoda (Jacobson i sur., 2015). Drugi mogući uzrok razlika između učinkovitosti ostvarenih korištenjem različitih setova markera su razlike u uzorkovanju kroz cikluse s obzirom na to da je u 500 ciklusa približno samo 1/4 mogućih kombinacija mogla biti testirana ($\frac{(191(179))^2}{2} * \frac{10}{100}$). Broj markera potreban za ostvarivanje najvećih mogućih točnosti predviđanja ovisi o više čimbenika, od kojih su najvažniji ukupan broj jedinki, broj jedinki u setu za izračun vrijednosti efekata markera (eng. *training set*), te heritabilnost svojstva. Što je niža heritabilnost svojstva, manji broj markera je potreban za postizanje maksimalne točnosti predviđanja (približno 200 markera za svojstvo s $h^2 = 0,05$), dok za svojstvo s $h^2 = 0,99$ broj markera potreban za ostvarivanje najveće moguće točnosti približno 900 (Peixoto i sur., 2016). Jacobson i sur. (2015) utvrdili su da iznad 500 markera korištenih za genomska predviđanja nema značajnijih promjena u točnosti predviđanja za prinos ($h^2 = 0,40$), dok je za postizanje najviše r_{MP} za hektolitarsku masu i udio vode u zrnu ($h^2 = 0,55; 0,67$) potrebno približno 1000 markera. Neravnoteža vezanosti pokazuje pozitivnu korelaciju s većim brojem markera potrebnim za ostvarenje maksimalnih vrijednosti r_{MP} zbog većeg broja rekombinacija koje je potrebno popratiti (Lian i sur., 2014). IBM populacija nastala je nakon 4 ciklusa rekombinacije (Lee i sur., 2002) što genetsku kartu čini većom i stvara potrebu za većim brojem markera za obuhvaćanje svih rekombinacija. Obzirom na izostanak većih razlika između vrijednosti r_{MP} dobivenih korištenjem setova podataka o markerima različite gustoće, izgledno je da je set od 2178 mješovitih markera bio dovoljan za ostvarenje najvećih mogućih vrijednosti r_{MP} u ovom istraživanju. Nešto niža učinkovitost predviđanja ostvarena SNP setom uzrokovana je penalizacijom modela s velikim brojem kolinearnih varijabli.

5.3. QTL analiza

Broj detektiranih lokusa razlikovao se ovisno o korištenom setu ulaznih podataka. Najmanji broj lokusa detektiran je korištenjem setova 1 i 3 (Tablica 8). Uzrok smanjenoj mogućnosti detekcije lokusa je velik broj komponenata varijance koje utječu na fenotip kvantitativnih svojstava (Hallauer i sur., 2010). QTL analiza temelji se na procjeni izglednosti za uočavanje lokusa na temelju ispitivanja gustoće vjerojatnosti za normalnu distribuciju (Lander i Botstein, 1989). Gustoća distribucije fenotipa je funkcija svih faktora koji uzrokuju njegovo variranje, pa je stoga samo mali broj lokusa mogao biti detektiran. Premda je komponenta okolinske varijance u oplemenjivačkim pokusima najveća, za identifikaciju oplemenjivački važnih okolina, najvažnija komponenta varijance je interakcija genotipa i okoline (Hallauer i sur., 2010, Khan i sur., 2013) i komponenta varijance aditivnih i neaditivnih veza (Piepho i Möhrig, 2007). Genomska predviđanja korištenjem hrbatne regresije sadrže komponentu varijance realiziranih aditivnih i neaditivnih veza ovisno o korištenom modelu (Endelman, 2011), pa se stoga gustoća distribucije sastoji isključivo od realiziranih veza markera i fenotipa i ne sadrži niti jednu komponentu varijance osim komponente varijance realiziranih veza pojedinačno za svaku okolinu (genotip x okolina). Korištenje setova podataka 2 i 4 je stoga rezultiralo značajnim povećanjem učinkovitosti detekcije lokusa. Zeegers i sur. (2004) spekulirali su o važnosti pribrajanja utjecaja okoline detekciji lokusa, no analiza korištenjem okolina kao kovarijabli dala nije dala bolje rezultate u odnosu na konvencionalno korištene metode. Uzrok razlika između seta sa 85/79 i 276 predviđenih vrijednosti je broj genotipova u kojima je vrijednost markera za pojedini lokus mogla biti detektirana, pa je stoga za veći uzorak broj stupnjeva slobode za genotip bio veći, a vrijednosti kriterija statističkog testa niže (Broman i sur., 2009). Kombinacija vrijednosti genomskih predviđanja i opaženih vrijednosti rezultirala je smanjenom mogućnosti detekcije QTL-a u odnosu na sve druge korištene setove podataka (Tablica 11). Uzrok smanjenja mogućnosti detekcije lokusa bilo je grupiranje velikog broja vrijednosti oko prosjeka populacije, s obzirom na to da je udio varijance realiziranih genetskih veza vrlo mali u odnosu na ukupnu varijancu opaženog fenotipa. Izraženo grupiranje vrijednosti oko prosjeka populacije narušilo je distribuciju fenotipa (podatak nije prikazan).

Lokusi detektirani u istraživanju preklapali su se između setova podataka, premda su korištenjem setova 2 i 4 (Tablica 1) izglednosti za proglašenje značajnog lokusa povećane jer su iz varijance

fenotipa izuzete sve ne-genetske komponente i reduciran je šum. (Slika 2 i Slika 3). Iz navedenog razloga, opisani su samo lokusi detektirani korištenjem seta 4 zbog najvećeg broja detektiranih lokusa statistički značajnog učinka na fenotip za sva svojstva.

5.3.1. Lokusi za udio oklaska detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina

Oklasak kukuruza je skelet na kojemu se razvija zrno i kao takav predstavlja strukturni dio cvati kod kukuruza. Udio oklaska je funkcija mase zrna i mase oklaska, a masa oklaska je funkcija gustoće, promjera i duljine, tj. volumena oklaska (Jansen, 2013). Udio oklaska je kompleksno svojstvo pa postoji mnogo svojstava koja utječu na njegovu distribuciju.

Na 1. kromosomu, u regiji 1,02, poznato je postojanje lokusa za duljinu klipa i promjer oklaska (Austin i Lee, 1996), oba svojstva visoko pozitivno korelirana s masom oklaska (Jansen i sur., 2013). Povezanost navedenog lokusa s masom oklaska i koreliranim svojstvima utvrdili su i Zhang i sur. 2015. Navedeni lokus detektiran je u provedenom istraživanju u samo dvije okoline (Tablica 13). Na istom kromosomu, lokus za udio oklaska u ukupnom prinosu u regiji 1,04/1,05 detektiran je u više istraživanje (Veldboom i Lee, 1996; Xiao i sur., 2005), dok su Jansen i sur. (2013), te Mendes-Moreira (2015) u istoj regiji detektirali lokuse značajnog učinka na duljinu, promjer, masu i gustoću oklaska. U regiji 1,07/1,08 lokuse za svojstva povezana s masom klipa detektirali su Austin i Lee (1996), a potvrdili u svojim istraživanjima Upadyayula i sur. (2006), te Zhang i sur. (2015). U regiji 2,04/2,05 Austin i Lee (1996) utvrdili su postojanje lokusa povezanog s promjerom oklaska i duljinom klipa, oba fenotipski korelirana svojstva s masom oklaska. Isti lokus detektiran je i u istraživanjima koja su proveli Upadyayula i sur. (2006) i Jansen i sur. (2013). U regiji 3,05 3. kromosoma, detektiran je jedan lokus u dvije okoline iz 2016. godine. U navedenoj regiji kartiran je lokus s utjecajem na promjer oklaska (Veldboom i sur. 1994). U istoj regiji nalazi se i gen *zag2* (Schmidt i sur., 1993), koji predstavlja drugi homolog evolucijski dobro konzerviranog gena *AGAMOUS* prisutnog kod viših biljaka, izraženog utjecaja na razvoj ženske cvati čiji je oklasak sastavni dio kod kukuruza. Premda je gen identificiran u istraživanju u kojemu je kao model biljka korišten uročnjak (*Arabidopsis thaliana* L.), Schnable i Freeling (2011) navode pojavu homologa *zag2* (eng. *MADS box protein*) kao specifičnu za porodicu *Poaceae*. Na 4. kromosomu, u regiji 4,05 nalazi se QTL povezan s povećanjem promjera oklaska (Veldboom i sur. 1994). Navedeni lokus autori Bommert i sur. (2013) povezali su s genom *fea2* (eng. *fascitated ear-2*) koji utječe na signalne proteine i

transkripcijske faktore povezane s proliferacijom meristema cvati. Gen *fea2* kartiran je u regiji 4,05, na poziciji 309,77 cM, dok je za lokus detektiran u ovom istraživanju interval za smještaj lokusa kartiran na pozicijama 298 – 349,8 cM, pa se stoga vjerojatno radi o detekciji fenotipskog učinka ovog gena. Na istom kromosomu, u regiji 4,08, poznato je postojanje lokusa za duljinu klipa (Austin i Lee, 1996), no u navedenoj regiji nema kartiranih gena izravno povezanih s ispitivanim svojstvom. Na 5. kromosomu, u regiji 5,04, lokus za udio oklaska detektiran u svim okolinama može biti povezan s učinkom većeg broja gena i ranije detektiranih lokusa (Abler i sur., 1991, Mendes-Moreira i sur., 2015). Obzirom na to da je ispitivano svojstvo udio ili omjer, prirodno je u negativnom recipročnom odnosu s masom zrna na klipu. Jedan od izglednih kandidata za povećanje udjela oklaska mogao bi biti gen *smk** (eng. *small kernel*) čija je fenotipska ekspresija smanjeni volumen i masa zrna (Neuffer i England, 1995). Na 8. kromosomu, u regiji 8,03 kartiran je lokus povezan s promjerom i masom oklaska (Mendes – Moreira i sur., 2015) detektiran i u ovom istraživanju. Na 9. kromosomu detektirani su lokusi u tri regije: 9,03, 9,04/9,05 i 9,06 s razmjerno visokim LOD vrijednostima. Jansen i sur. (2013) i Zhang i sur. (2015) utvrdili su postojanje većeg broja lokusa povezanih s promjerom i masom oklaska u svim navedenim regijama, dok su Yu i sur. (2014) i Xiao i sur. (2006) utvrdili postojanje plejotropnog lokusa velikog fenotipskog učinka u blizini centromere 9. kromosoma (regija 9,03). Na 10. kromosomu, u regiji 10,04, poznato je postojanje lokusa s utjecajem na svojstva oklaska (Austin i Lee, 1996, Zhang i sur., 2015). Lokus povezan s navedenim svojstvom detektiran u provedenom istraživanju, kartiran je na istoj poziciji kao i lokus za prinos zrna detektiran u 7 okolina ili prosjeka okolina (Tablica 13). S obzirom na učinak roditeljskih alela na prinos zrna (Prilog 2), moguće je pretpostaviti da je analizom detektirana posredna fenotipska ekspresija gena *hsp90*. Transkripcijski produkt gena *hsp90* je protein (eng. *heat shock protein 90 kDa*) izraženog utjecaja na ublažavanje simptoma stresa izazvanog visokim temperaturama, kao i stresa uzrokovanog nedostatkom vode (Jiménez-González i sur., 2014), pa se njegovu ekspresiju može povezati s ublažavanjem stresa uzrokovanog visokim temperaturama zraka u Turskoj (Tablica 2, Tablica 4).

5.3.2. Lokusi za udio vode u zrnu detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina

Udio vode u zrnu je kompleksno svojstvo ovisno o genetskim i okolinskim čimbenicima. Genetski čimbenici uključeni u kontrolu broja dana do razvoja ženske cvati mogu biti presudni za određivanje sadržaja vode u zrnu u berbi (Nielsen, 2005), jer vrijeme pojave muške i ženske cvati na biljci određuje njenu prilagođenost okolinskim uvjetima, te vrijeme do zriobe (Buckler i sur., 2009), no fiziologija sušenja zrna nakon fiziološke zrelosti i pojave crnog sloja je i dalje nedovoljno poznata. Broj dana do polinacije i broj dana do pojave svile su svojstva vrlo visoke genetske korelacije sa udjelom vode u zrnu (Malik i sur., 2005) i sadržaj vode u zrnu nakon polinacije određuje stopu nalijevanja, kao i stopu dehidracije zrna nakon zriobe (Li i sur., 2014). Vrlo važni genetski čimbenik u sušenju zrna nakon fiziološke zrelosti je morfologija klipa (Troyer i Ambrose, 1970) za koju kod kukuruza postoji velika genetska varijabilnost (Flores-Rosales i sur., 2015). Vlaga zrna usko je vezana uz akumulaciju suhe tvari (Hallauer, 1960, Haegele, 2008), dok je akumulacija suhe tvari povezana s promjenama kemijskog sastava šećera u endospermu (Chen, 1990). Gentinetta i sur. (1979) su utvrdili da pri berbi kukuruza s različitim sadržajem vode u zrnu dolazi do pojave višeg sadržaja monosaharida kod kukuruza s višom vlagom, čiji se sadržaj smanjuje kako se vlaga smanjuje, uz porast sadržaja škroba. Ober i sur. (1991) utvrdili su porast sadržaja transkriptoma enzima iz skupine škrob sintetaza s brojem dana nakon polinacije. Otpuštanje vode iz zrna nakon fiziološke zriobe iznosi 0,4-0,8% dnevno ovisno o morfologiji klipa i okolinskim čimbenicima (Geyer i Thomison, 2006). QTL analizom je stoga moguće detektirati bilo koji od genetskih čimbenika s utjecajem na sadržaj vode u zrnu.

Lokus kartiran na 1. kromosomu, u regiji 1,02, detektiran u 6 okolina ili prosjeka okolina (Tablica 14), podudara se pozicijom lokusa za udio vode u zrnu detektiranog u istraživanju koju su proveli Ho i sur (2002) i metalokusom za udio vode u zrnu detektiranom u istraživanju koju su proveli Li i sur. (2014). U istoj regiji kartirana su i dva lokusa povezana s brojem toplinskih jedinica do pojave svile (Beavis i sur., 1994, Yuan i sur., 2012) i brojem dana do pojave polena (Koester i sur., 1993), što posredno utječe na regulaciju vremena, odnosno broja dana do zriobe. Na istom kromosomu, u regiji 1,11 detektiran je lokus specifičan za okoline na lokaciji Osijek. U navedenoj regiji Szalma i sur. (2007) utvrdili su postojanje lokusa povezanog s brojem dana do pojave antera i ASI (eng. *Anthesis-Silk Interval*) intervalom. Na poziciji 1019,1 cM, približno 9

cM udaljen od pozicije na kojoj je kartiran lokus nalazi se gen *iaa5* (eng. *Aux/IAA-transcription factor5*) zadužen za kontrolu transkripcije gena povezanih s regulacijom hormona iz skupine auksina, izraženog učinka na arhitekturu cvati i regulaciju trajanja cvatnje (Gali i sur. 2015). Na 2. kromosomu, u regiji 2,00/2,01 detektiran je lokus povezan s sadržajem vode u zrnu. U toj regiji nalazi se gen *osl* (*opaque-endosperm, small germ1*) i kandidatni gen *o*-N1189A* (*opaqueN1189A*) oba s učinkom na razvoj zrna neprozirnog endosperma povezanog s kvalitetom, svojstvima prerade i sadržajem vode u zrnu (Hoffman i Shaver 2011). Na 3. kromosomu u regiji 3,03/3,04 detektiran je lokus povezan sa ispitivanim svojstvom u 8 okolina ili prosjeka okolina. U navedenoj regiji nema kartiranih lokusa povezanih izravno sa sadržajem vode u zrnu, no detektirani su lokusi povezani sa svojstvima koja povećavaju sadržaj suhe tvari u zrnu poput sadržaja ulja (Goldman i sur., 1994) i sadržaja proteina (Dameval i sur., 1994). Lokus na istom kromosomu, u regiji 3,05 detektiran u dvije okoline kartiran je i u istraživanju koju su proveli Ho i sur. (2002), te kao lokus s utjecajem na broj dana do pojave svile u istraživanjima koje su proveli Szalma i sur. (2007), te Xie i sur. (2010). Lokus na 4. kromosomu u regiji 4,03, detektiran u 5 okolina ili prosjeka okolina detektiran je i u istraživanju koju su proveli Li i sur. (2014). Isti autori detektirali su za udio vode u zrnu na istom kromosomu i lokuse u regijama 4,05, 4,08 i 4,09 kartirane i u provedenom istraživanju. Lokusi povezani s vlagom u zrnu putem regulacije broja dana do pojave svile, u regijama 4,04, 4,08 i 4,09/4,10 detektirani su u istraživanju koju su proveli Szalma i sur. (2007), dok su Xie i sur. (2010) detektirali samo lokus povezan s brojem dana do pojave svile u regiji 4,09. Na 5. kromosomu, u regiji 5,03, kartiran je lokus u 9 okolina ili prosjeka okolina izrazito visokih LOD vrijednosti i fenotipskog učinka (Tablica 14, Prilog 2). QTL analizom u toj su regiji otkriveni lokusi s utjecajem na sadržaj vode u zrnu (Beavis i sur., 1994), sadržaj proteina u zrnu (Schön i sur. 1993) i sadržaj škroba u zrnu (Goldman i sur. 1994), svojstva u antagonističkom odnosu spram sadržaja vode u zrnu. U istoj regiji, na pozicijama 210-267,7 cM nalazi se veći broj gena potencijalnog učinka na sadržaj vode u zrnu. Na približnoj poziciji od 283,2 cM nalazi se enzim zadužen za stvaranje normalnih granula škroba u endospermu i omogućavanje normalne razgradivosti amilazama *sbe1* (eng. *starch branching enzyme1*) prisutan u endospermu kukuruza (Hannah, 2005) i aktivan prilikom fiziološke zriobe (Xia i sur., 2011). Drugi gen potencijalnog učinka na sadržaj vode u zrnu je *ga20ox4* (eng. *gibberelin 20-oxidase4*) zadužen za inaktivaciju giberelina 20, biljnog hormona aktivnog 30 dana nakon polinacije (White i sur., 2000), povezanog s fiziološkim dozrijevanjem zrna (Song i sur.,

2011) i razvojem muške i ženske cvati (Chen i sur., 2014), a gubljenje vlage iz zrna je dio procesa njegova dozrijevanja. Na istom kromosomu, u regiji 5,04 detektiran je još jedan lokus povezan sa svojstvom. Isti lokus povezan s brojem dana do pojave svile, detektirali su i Szalma i sur. (2007), Yuan i sur. (2012), te Li i sur. (2014). Na 6. kromosomu, u regiji 6,01 detektiran je jedan lokus značajnog učinka na udio vode u zrnu u 6 okolina i prosjeka okolina. Isti lokus detektirali su Szalma i sur (2007) i povezali s brojem dana do pojave svile, dok su Zhang i sur. (2013) isti lokus detektirali u istraživanju u kojoj je ispitivana stopa nalijevanja zrna. Na 7. kromosomu u regiji 7,02 detektiran je lokus u 7 okolina ili prosjeka okolina, već detektiran u drugim istraživanjima kao QTL s utjecajem na nalijevanja zrna (Zhang i sur., 2013), sadržaj vode u zrnu (Li i sur., 2014) i broj dana do pojave svile (2012). Na 8. kromosomu, u regiji 8,08 detektiran je lokus u 5 okolina ili prosjeka okolina. Navedeni lokus kartiran je i u istraživanju koju su proveli Veldboom i Lee (1996) za broj dana do pojave svile. Za lokus detektiran na 9. kromosomu, u regiji 9,03 detektirane su vrlo visoke LOD vrijednosti (Tablica 14). U navedenoj regiji kartiran je gen *wx1* (*waxy1*) na poziciji 218 – 237 cM (Xiaoyang i sur., 2017) s izraženim utjecajem na sastav endosperma i sadržaj vode u zrnu (Hoover i Manuel, 1996). U istoj regiji Li i sur. (2014) detektirali su lokus povezan s otpuštanjem vlage iz zrna.

5.3.3. Lokusi za prinos zrna detektirani kroz veći broj okolina ili prosjeka okolina

Prinos zrna kao vrlo kompleksno svojstvo (Hallauer i sur., 2010) pokazuje vrlo veliku osjetljivost na stresove u svim fenofazama, a najveće gubitke u prinosu uzrokuju kombinirani stresovi (Messmer i sur., 2009). Genetski faktori koji najviše doprinose stabilnosti prinosa su upravo oni povezani s povećanom tolerancijom na stres (Mickelbart i sur., 2015), pa je upravo detekcija ovih lokusa glavna zadaća QTL analize za prinos. Osim lokusa koji utječu na toleranciju na stres, važnu ulogu u formiranju prinosa imaju i genetski faktori povezani s formiranjem komponenata prinosa poput težine jednog zrna, hektolitarske mase, broja zrna u redu klipa, itd. (Martinez i sur., 2016). Provedbom QTL analize za svojstvo prinosa se stoga provodi posredna analiza za sva svojstva uključena u njegovo formiranje. Najveći broj QTL istraživanje proveden je upravo za prinos, a 2016. godine (Martinez i sur., 2016) napravljen je prvi QTLom ili karta lokusaza prinos detektiranih većem broju istraživanja. Na navedenoj karti, nalaze se svi značajni lokusi detektirani u našem istraživanju, kao i mnogi drugi, a autori

zaključuju da moć detekcije lokusa ovisi ponajprije o genetskoj raznolikosti materijala korištenog u istraživanju.

Svi lokusi za prinos detektirani u našem istraživanju detektirani su i u istraživanju koju su proveli Li i sur. (2011) za komponente prinosa zrna kukuruza. Hao i sur. (2010) istraživali su utjecaj vodnog stresa na detekciju lokusa povezanih s prinosom zrna kukuruza. U radu navedenih autora sastavljena je lista potencijalnih kandidatnih gena vezanih za stres. Lokusi iznimno visokih LOD vrijednosti na kromosomima 2 (2,04), 3 (3,04) i 5 (5,03) detektirani su uglavnom u okolinama na lokaciji Ayvalik identificiranim kao stresnim okolinama (Tablice 2, 4, 15). Na 2. kromosomu, u regiji 2,04 kartiran je gen *grf1* (*general regulatory factor1*) povezan s tolerancijom na stres. Na 3. kromosomu, u regiji 3,04 kartiran je *aba1* (*abscisic stress protein homolog*), dok se na 5. kromosomu, u regiji 5,03 nalazi gen *ivr2* (*invertase2*). U istoj su istraživanju na navedenim lokusima detektirani su lokusi za prinos zrna na svim kromosomima. Veza navedenih lokusa sa stresom i prinosom zrna utvrđena je i u meta-analizi koju su proveli Semagn i sur. (2013) na 18 populacija kukuruza. Lokus za prinos na 5. kromosomu, u regiji 5,03 detektiran je i u istraživanju koju proveli Samayoa i sur. (2014). Lokus se u korištenoj populaciji pokazao kao vrlo stabilan u uvjetima biotskog stresa. Isti lokus za prinos zrna detektirali su u svojoj istraživanju i Messmer i sur. (2009). U provedenom istraživanju, navedeni je lokus detektiran u okolinama na lokaciji Ayvalik koje su se u odnosu na OS okoline pokazale kao stresne (Tablica 4), pa je stoga moguće da se radi o lokusu vezanom uz toleranciju na stres.

5.4. Implikacije ostvarenih rezultata na praktično oplemenjivanje kukuruza

Praktično oplemenjivanje kukuruza u komercijalnim oplemenjivačkim programima temelji se na traženju novih izvora poželjnih alela u određenom broju linija već dokazanih proizvodnih svojstava, zvanih elitna germplazma (Hallauer i sur., 2010, Bernardo, 2010). Kako se oplemenjivanje kukuruza pretežito provodi s ciljem razvoja hibrida dviju linija, križanja za stvaranje izvora novih linija provode se uglavnom između linija uske genetske osnove. U testkrižancima populacija uske genetske osnove, kartiranje lokusa je otežano zbog malog učinka pojedinog roditeljskog alela i malog udjela genetske varijance u ukupnoj varijanci fenotipa, a testkrižanje predstavlja jedinu relevantnu procjenu proizvodnih karakteristika razvijenih linija u hibridima. Provedba genomskih predviđanja hrbatnom regresijom ograničava varijancu fenotipa samo na varijancu realiziranih genetskih veza i stoga smanjuje šum u podacima uzrokovan

drugim, ne-genetskim čimbenicima. Uporabom vrijednosti izračunatih na temelju rrBLUP modela kao ulaznih podataka za QTL analizu omogućuje se kartiranje lokusa povezanih sa stresom, te samim time i lakše kartiranje relevantnih lokusa u testkrižancima. Detekcijom stabilnih lokusa za otpornost na stres u ciljanim grupama okolina, omogućuje se veća učinkovitost oplemenjivanja potpomognutog markerima putem detekcije lokusa koji korištenjem opaženih vrijednosti fenotipa ne bi bili detektirani. S obzirom na poklapanje dijela detektiranih lokusa kroz okoline i godine, moguće je zaključiti kako za ispitivana svojstva postoji određeni broj strukturnih lokusa, dok su drugi detektirani lokusi bili specifični za pojedinu skupinu okolina. Lokusi specifični za okoline na lokaciji AY najvjerojatnije su bili povezani s fiziološkim odgovorom biljaka na abiotički stres izazvan visokim temperaturama zraka i visokim vrijednostima VPD-a, dok su specifični lokusi detektirani u okolinama na lokaciji OS vjerojatno bili povezani s odgovorom biljaka na stres izazvan nedostatkom vode tijekom vegetacije. Okoline na dvije ispitivane lokacije predstavljale su dvije različite skupine okolina prema agrometeorološkim svojstvima (Tablica 2) odgovarajući njihovom geografskom položaju. VPD se u našem istraživanju pokazao kao učinkovit parametar za razdvajanje oplemenjivačkih okolina prema detektiranim lokusima. Daljnje analize interakcija genotip x okolina i QTL x okolina potrebne su da se utvrdi stvarna uporabljivost VPD-a za oplemenjivačke programe.

6. Zaključci

- Svojstva udio oklaska u ukupnom prinosu, udio vode u prinosu zrna i prinos zrna su svojstva umjerene do visoke heritabilnosti.
- Za ispitivana svojstva utvrđena je velika okolinska varijanca. U okolinama na lokaciji Ayvalik zabilježen je snažan negativan utjecaj vremenskih prilika na svojstva udio vode u zrnu i prinos zrna u odnosu na okoline na lokaciji Osijek.
- Učinkovitosti genomske selekcije bile su niže nego što je bilo očekivano, vjerojatno zbog korištenja testkrižanaca (hibrida) i povećanog udjela okolinske varijance za ispitivana svojstva u odnosu na podatke dostupne u literaturi.
- Između rezultata genomske selekcije provedene korištenjem dva seta markera (SNP i mješoviti set), detektirane su minimalne razlike. Uzroci tih razlika mogli su biti nedostajući markeri na pojedinim lokusima značajnog utjecaja na ispitivana svojstva, ili, vjerojatnije, visoke vrijednosti penalizacije modela zbog velikog broja kolinearnih varijabli (markeri s potpunom neravnotežom vezanosti) u SNP setu markera.
- Korištenjem setova podataka s predviđenim vrijednostima fenotipa (set 2 i set 4) povećana je moć detekcije lokusa za sva svojstva. Uzrok povećane moći detekcije je uklanjanje okolinske varijance iz rrBLUP modela i izračun fenotipskih vrijednosti samo na temelju ostvarenih genetskih veza.
- Dio lokusa detektiran u ovoj istraživanju kartiran je u područjima gdje su kartirani geni povezani s ispitivanim svojstvima.
- Osim lokusa detektiranih kroz veći broj okolina, detektiran je i velik broj lokusa vezanih za pojedine okoline.
- QTL analiza za kvantitativna svojstva umjerene do visoke heritabilnosti korištenjem rrBLUP genomskih predviđanja kao ulaznih podataka povećava izgleda za detekciju genetskih čimbenika koji utječu na svojstva u uvjetima stresa. Povećana izglednost za detekciju, te mogućnost referenciranja relevantnih lokusa čine ovu metodu dobrim izborom za fundamentalna i primijenjena istraživanja, te praktično oplemenjivanje bilja.

7. Literatura

1. Abler, B.S.B., Edwards, M.D., Stuber, C.W. (1989): Isoenzymatic Identification of Quantitative Trait Loci in Crosses of Elite Maize Inbreds. *Crop Science* 31(2): 267-274, DOI: 10.2135/cropsci1991,0011183X003100020006x
2. Agrama, H.A.S., Moussa, M.E. (1996): Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica* 91: 89 -97
3. Allen, R.G., Pereira, L.S., Raes, D., Smith, M. (1998): Crop evapotranspiration - Guidelines for computing crop water requirements - FAO Irrigation and drainage paper 56, FAO, Rim
4. Almeida, G.D., Makumbi, D., Magorokosho, C., Magorokosho, C., Nair, S., Borem, A., Ribaut, J.M., Bänzinger, M., Prasanna, B.M., Crossa, J., Babu, R. (2013): QTL mapping in three tropical maize populations reveals a set of constitutive and adaptive genomic regions for drought tolerance. *Theoretical and Applied Genetics* 126: 583-600, DOI: 10.1007/s00122-012-2003-7
5. Amon, T., Amon, B., Kryvoruchko, V., Zollitch, W., Mayer, K., Gruber, L. (2007): Biogas production from maize and dairy cattle manure—Influence of biomass composition on the methane yield. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 118: 173-182, DOI: 10.1016/j.agee.2006.05.007
6. Andorf, C.M., Lawrence, C.J., Harper, L.C., Schaeffer, M.L., Campbell, D.A., Sen, T.Z. (2010): The Locus Lookup tool at MaizeGDB: identification of genomic regions in maize by integrating sequence information with physical and genetic maps. *Bioinformatics* 26: 434-436, DOI: 10.1093/bioinformatics/btp556
7. Andorf, C.M., Cannon, E.K., Portwood, II, J.L, Gardiner, J.M., Harper, L.C., Schaeffer, M.L., Braun, B.L., Campbell, D.A., Vinnakota, A.G., Sribasulu, V.V., Huerta, M., Tak Cho, K., Wimalanathan, K., Richter, J.D., Mauch, E.D., Rao, B.S., Birkett, S.M., Sen, T.Z., Lawrence-Dill, C. (2015): MaizeGDB update: new tools, data and interface for the maize model organism database. *Nucleic Acid Research* 44: 1195-1201, DOI: 10.1093/nar/gkv1007
8. Austin, D.F., Lee, M. (1996): Comparative mapping in F_{2:3} and F_{6:7} generations of quantitative trait loci for grain yield and yield components in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 817-826

9. Bates, D., Mächler, M., Bolker, B.M., Walker, S.C. (2015): Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4, *Journal of Statistical Software* 67(1), DOI: 10.18637/jss.v067.i0
10. Beavis, W.D., Smith, O.S., Grant, D., Fincher, R. (1993): Identification of Quantitative Trait Loci Using a Small Sample of Topcrossed and F₄ Progeny from Maize. *Crop Science* 34(4): 882-896
11. Beavis, W.D., Smith, O.S., Grant, D., Fincher, R. (1994): Identification of quantitative trait loci using a small sample of topcrossed and F₄ progeny from maize. *Crop Science* 34:882-896
12. Bennetzen, J., Hake, S. (2009): *Handbook of Maize: Genetics and Genomics*. Springer LLC, NY, USA. DOI: 10.1007/978-0-387-77863-1
13. Bernardo, R., Nyquist, W.E. (1998): Additive and testcross genetic variances in crosses among recombinant inbreds. *Theoretical and Applied Genetics* 97:116 – 150
14. Bernardo, R., Yu, J. (2007): Prospects for Genomewide Selection for Quantitative Traits in Maize. *Crop Science* 47:1082-1090, DOI: 10.2135/cropsci2006.11.0690
15. Bernardo, R. (2010): *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. Stemma Press, MN, SAD
16. Bernardo, R. (2013): Genomewide markers as cofactors for precision mapping of quantitative trait loci. *Theoretical and Applied Genetics* 126:999-1009, DOI: 10.1007/s00122-012-2032-2
17. Beyene, Y., Semagn, K., Crossa, J., Mugo, S., Atlin, G.N., Tarekegne, A., Meisel, B., Sehabiague, P., Vivek, B.S., Oikeh, S., Alvarado, G., Machida, L., Olsen, M., Prasanna, B.M., Banzinger, M. (2016): Improving Maize Grain Yield under Drought Stress and Non-stress Environments in Sub-Saharan Africa using Marker-Assisted Recurrent Selection. *Crop Science* 56:344-353, DOI: 10.2135/cropsci2015.02.0135
18. Bommert, P., Satosh Nagasawa, N, Jackson, D. (2013): Quantitative variation in maize kernel row number is controlled by the FASCIATED EAR2 locus. *Nature Genetics* 45(3): 334 – 337, DOI: 10.1038/ng.2534
19. Broman, K.W., Wu, H., Sen, S., Churchill, G.A. (2003): R/qtl: QTL mapping in experimental crosses. *Bioinformatics* 19(7):89-890, DOI: 10.1093/bioinformatics/btg112
20. Broman, K.W., Sen, S. (2009): *A Guide to QTL Mapping with R/qtl*. Springer LLC, NY, USA. DOI: 10.1007/9780-387-92125-9

21. Buckler, E.S., Holland, J.B., Bradbury, P.J., Achaya, C.B., Brown, P.J., Browne, C., Ersoz, E., Flint-Garcia, S., Garcia, A., Glaubitz, J.C., Goodman, M.M., Harjes, C., Guill, K., Kroon, D.E., Larsson, S., Lepak, N.K., Li, H., Mitchell, S.E., Pressoir, G., Peiffer, J.A., Rosas, M.O., Rocheford, T.R., Romay, M.C., Romero, S., Salvo, S., Sanchez Villeda, H., da Silva, H.S., Sun, Q., Tian, F., Upadyayula, N., Ware, D., Yates, H., Yu, J., Zhang, Z., Kresovich, S., McMullen, M.D. (2009): The Genetic Architecture of Maize Flowering Time. *Science* 325: 714-718, DOI: 10.1126/science.1174276
22. Chen, Y. (1990): Membrane stabilization and desiccation tolerance during seed corn (*Zea mays* L.) drying. Iowa State University, Retrospective Theses and Dissertations 9426, doktorska disertacija
23. Chen, Y., Tan, B.C. (2015): New insight in the Gibberellin biosynthesis and signal transduction. *Plant Signaling and Behavior* 10:5, e1000140, DOI: 10.1080/15592324.2014.1000140
24. Churchill, G.A., Doerge, R.W. (1994): Empirical Threshold Values for Quantitative Trait Mapping. *Genetics* 138: 963-971
25. Coe, E., Cone, K., McMullen, M., Chen, S.S., Davis, G., Gardiner, J., Liscum, E., Polacco, M., Patterson, A., Sanchez-Villeda, H., Soderlun, C., Wing, R. (2002): Access to the Maize Genome: An Integrated Physical and Genetic Map. *Plant Physiology* 128: 9-12, DOI: 10.1104/pp.010953,
26. Combs, E., Bernardo, R. (2013): Accuracy of Genomewide Selection for Different Traits with Constant Population Size, Heritability, and Number of Markers. *The Plant Genome* 6: 1-7, DOI: 10.3835/plantgenome2012.11.0030
27. Courtial, A., Méchin, V., Reymond, M., Grima-Petternati, J., Barrière, Y. (2014): Colocalizations Between Several QTLs for Cell Wall Degradability and Composition in the F288×F271 Early Maize RIL Progeny Raise the Question of the Nature of the Possible Underlying Determinants and Breeding Targets for Biofuel Capacity. *Bioenergy Research* 7:142-156, DOI: 10.1007/s12155-013-9358-8
28. Crossa, J., Beyne, Y., Kassa, S., Perez, P., Hickey, J.M., Chen, C., de los Campos, G., Burgeno, J., Windhausen, V.S., Buckler, E., Jannik, J.L., Lopez Cruz, M.A., Babu, R. (2013): Genomic Prediction in Maize Breeding Populations with Genotyping-by-Sequencing. *Genes, Genomes, Genetics* 3:1903 - 1926, DOI: 10.1534/g3.113.008227

29. Dameval, C., Maurice, A., Jose, J.M., Vienne, D. (1994): Quantitative Trait Loci Underlying Gene Product Variation: A Novel Perspective for Analyzing Regulation of Genome Expression. *Genetics* 137: 289-301
30. Dekkers, J.C.M., Hospital, F. (2002): The Use of Molecular Genetics in the Improvement of Agricultural populations. *Nature Reviews: Genetics* 3: 22-32, DOI: 10.1038/nrg701
31. Duvick, D.N. (2005): Genetic Progress in Yield of United States Maize (*Zea mays* L.). *Maydica* 50: 193-202
32. Eathington, S.R., Crosbie, T.M., Edwards, M.D., Reiter, R.S., Bull, J.K. (2007): Molecular Markers in a Commercial Breeding Program. *Crop Science* 47(3): 154-163, DOI: 10.2135/cropsci2007.04.0015IPBS
33. Elshire, R.J., Glaubitz, J.C., Sun, Q., Poland, J.A., Kawamoto, K., Buckler, E.S., Mitchell, S.E. (2011): A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. *PlosONE* 6(5): e19379, DOI: 10.1371/journal.pone.0019379
34. Emmerson, R.A., Beadle, G.W., Fraser, A.C. (1935): A summary of linkage studies in maize. Cornell University, NY, USA
35. Endelman, J.B. (2011) Ridge Regression and Other Kernels for Genomic Selection with R Package rrBLUP. *The Plant Genome* 4:250-255, DOI: 10.3835/plantgenome2011.08.0024
36. Feenstra, B., Skogvaard, Ib.Mm, Broman, K.W. (2006): Mapping Quantitative Trait Loci by an Extension of the Haley–Knott Regression Method Using Estimating Equations. *Genetics* 173:2269-2282, DOI: 10.1534/genetics.106.058537
37. Flores-Rosales, M.C., Hernández-Guzmán, J.A., Gil-Muñoz, A., López, P.A., Parra-Inzunza, F., González-Cossío, F.V. (2015): Variability in Cornhusk Traits of Landraces from the State of Puebla, Mexico. *Agronomy Journal* 107(3):1119 – 1127, DOI: 10.2134/agronj14.0542
38. Fisher, R.A: (1935): *The Design of Experiments*. Hafner publishing 1971, NY, USA.
39. Fu, Y., Wen, T.J., Ronin, Y.I., Chen, DD, Guo, L., Mester, D.I., Yang, Y., Lee, M., Korol, A.B., Ashlock, D.A., Schnable, P.S. (2006): Genetic Dissection of Intermated Recombinant Inbred Lines Using a New Genetic Map of Maize. *Genetics* 174:1671-1683, DOI: 10.1534/genetics.106.060376
40. Gali, M., Liu, Q., Moss, B., Malcomber, S., Li, W., aines, C., Federici, S., Roshkovan, J., Meeley, R., Nemhauser, J.L., Gallavotti, A. (2015): Auxin signaling modules regulate

- maize inflorescence architecture. PNAS 122(43): 13372-13377, DOI: 10.1073/pnas.1516473112
41. Galić, V., Franić, M., Jambrović, A., Zdunić, Z., Brkić, A., Šimić, D. (2017): QTL mapping for grain quality traits in testcrosses of a maize biparental population using genotyping-by-sequencing data. Poljoprivreda 23(1):28-33, DOI: 10.18047/poljo.23.1.5
 42. Ganal, M.W., Durstewitz, G., Polley, A., Berard, A., Buckler, E.S., Charcosset, A., Clarke, J.D., Graner, E.M., Hansen, M., Joets, J., Le Paslier, M.C., McMullen, M.D., Montalent, P., Rose, M., Schön, C.C., Sun, Q., Walter, H., Martin, O.C., Falque, M. (2011): A Large Maize (*Zea mays* L.) SNP Genotyping Array: Development and Germplasm Genotyping, and Genetic Mapping to Compare with the B73 Reference Genome. PlosOne 6(12):e28334, DOI: 10.1371/journal.pone.0028334
 43. Gentinetta, E., Zambello, M., Salamini, F. (1979): Free Sugars in Developing Maize Grain. Cereal Chemistry 56(2):81-83
 44. Geyer, A., Thomison, P. (2006): Corn drydown. C.O.R.N. Newsletter 2006-28, Ohio State University
 45. Gholipoor, M., Choudhary, S., Sinclair, T.R., Messina, C.D., Cooper, M. (2013): Transpiration Response of Maize Hybrids to Atmospheric Vapour Pressure Deficit. Journal of Agronomy and Crop Science 199:155-160, DOI: 10.1111/jac.12010
 46. Gimelfarb, A., Lande, R. (1994): Simulation of marker assisted selection in hybrid populations. Genetics Research 63:39-47
 47. Glaubitz, J.C., Casstevens, T.M., Lu, F., Harriman, J., Elshire, R.J., Sun, Q., Buckler, E.S. (2014): TASSEL-GBS: A High Capacity Genotyping by Sequencing Analysis Pipeline. PLoSone 9(2): e90346, DOI: 10.1371/journal.pone.0090346
 48. Goldman, I.L., Rocheford, T.R., Dudley, J.W. (1994): Molecular markers associated with maize kernel oil concentration in an Illinois High Protein X Illinois Low Protein cross. Crop Science 34(4):908-915
 49. Haegele, J.W. (2008): Maize (*Zea mays* L.) kernel development, suitability for dry-grind ethanol production, and susceptibility to aflatoxin accumulation in relation to late-season water stress. Iowa State University, Retrospective Theses and Dissertations 15384, doktorska disertacija

50. Haley, C.S., Knott, S.A. (1992): A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity* 69: 315-324
51. Hallauer, A.R. (1960): Effects of some selected weather factors on the development and drying of corn grain. Iowa State University, Retrospective Theses and Dissertations 2646, doktorska disertacija
52. Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010): *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer LLC, NY, USA. DOI: 10.1007/978-1-4419-0766-0
53. Hannah, L.C. (2005): Starch synthesis in the maize endosperm. *Maydica* 50:497-506
54. Hao, Z., Li, X., Liu, X., Xie, C., Li, M., Zhang, D., Zhang, S. (2010): Meta-analysis of constitutive and adaptive QTL for drought tolerance in maize. *Euphytica* 174:165-177, DOI: 10.1007/s10681-009-0091-5
55. Hao, Z., Li, X., Xie, C., Weng, J., Li, M., Zhang, D., Liang, X., Liu, L., Liu, S., Zhang, S. (2011): Identification of Functional Genetic Variations Underlying Drought Tolerance in Maize Using SNP Markers. *Journal of Integrative Plant Botany* 53:641-652, DOI: 10.1111/j.1744-7909.2011.01051.x
56. Hedrick, P.W. (2005): *Genetics of Populations*, Third edition. Jones and Bartlet, MA, USA
57. Helenjantaris, T., Slocum, M., Wright, S., Schaefer, A., Nienhuis, J. (1986): Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. *Theoretical and Applied Genetics* 72:761-769
58. Hicks, D.R., Benson, G.O., Bullock, D. (1991): *Corn Hybrid Maturity Management for the Central and Northern Corn Belt*. NCH7, USDA, Washington, DC, SAD
59. Ho, J.C., McCouch, S.R., Smith, M.E. (2002): Improvement of hybrid yield by advanced backcross QTL analysis in elite maize. *Theoretical and Applied Genetics* 105:440-448, DOI: 10.1007/s00122-002-0945-x
60. Hoerl, A.E., Kennard, R.W. (1970): Ridge Regression: Biased Estimation for Nonorthogonal Problems. *Technometrics* 12(1): 55-67
61. Hoffman, P.C., Shaver, R.D. (2011): The Nutritional Chemistry of Dry and High Moisture Corn. *Proceedings of 10th Western Dairy Management Conference*: 179-194, Reno, Nevada, SAD. 9.-11. Ožujka 2011.

62. Hoover, R., Manuel, H. (1996): The Effect of Heat–Moisture Treatment on the Structure and Physicochemical Properties of Normal Maize, Waxy Maize, Dull Waxy Maize and Amylomaize V Starches. *Journal of Cereal Science* 23:153-162
63. Jacobson, A., Lian, L., Zhong, S., Bernardo, R. (2015): Marker Imputation Before Genomewide Selection in Biparental Maize Populations. *The Plant Genome* 8: 1-9, DOI: 10.3835/plantgenome2014.10.0078
64. Jansen, R.C. (1993): Interval Mapping of Multiple Quantitative Trait Loci. *Genetics* 135:205-211
65. Jansen, C., de Leon, N., Lauter, N., Hirsch, C., Ruff, L., Lübberstedt, T. (2013): Genetic and Morphometric Analysis of Cob Architecture and Biomass-Related Traits in the Intermated B73×Mo17 Recombinant Inbred Lines of Maize. *BioEnergy Research* 6:903-916, DOI: 10.1007/s12155-013-9319-2
66. Jiménez-González, A.S., Fernández, N., Martínez-Salas, E., Sánchez de Jiménez, E. (2014): Functional and Structural Analysis of Maize Hsp101 IRES, *PLOSone* 9(9): e107459, DOI: 10.1371/journal.pone.0107459
67. Joseph, B., Corwin, J.A., Li, B., Atwell, S., Kliebenstein, D.J. (2013): Cytoplasmic genetic variation and extensive cytonuclear interactions influence natural variation in the metabolome. *eLife* 2: e00776, DOI: 10.7554/eLife.00776
68. Khan, H., Rehman, H.U., Bakht, J., Khan, S.A., Hussain, I., Khan, A., Ali, S. (2013): Genotype × Environment Interaction And Heritability Estimates For Some Agronomic Characters In Sunflower. *The Journal of Animal and PLant Sciences* 23(4):1177 – 1184
69. Knott, S.A., Haley, C.S. (1992): Aspects of maximum likelihood methods for the mapping of quantitative trait loci in line crosses. *Genetics Research* 60(2):139-151
70. Koester, R., Sisco, P.H., Stuber, C.W. (1993): Identification of quantitative trait loci controlling days to flowering and plant height in two near isogenic lines of maize. *Crop Science* 33(6):1209-1216
71. Kohavi, R. (1995): A Study of Cross-Validation and Bootstrap for Accuracy Estimation and Model Selection. Conference handbook: International Conference on Artificial Intelligence 1995.
72. Kosambi, D.D. (1944): The estimation of map distances from recombination values. *Annals of Eugenics* 12:172-175

73. Lande, R., Thompson, R. (1990): Efficiency of Marker-Assisted Selection in the Improvement of Quantitative Traits. *Genetics*, 124:743-756
74. Lander, E.S., Botstein, D. (1989): Mapping Mendelian Factors Underlying Quantitative Traits Using RFLP Linkage Maps. *Genetics* 121:185-199
75. Lawrence, C.J., Schaeffer, M.L., Siegfried, T.E., Campbel, D.A., Harper, L.C. (2007): MaizeGDB's new data types, resources and activities. *Nucleic Acid Research* 35:895-900, DOI: 10.1093/nar/gkl1048
76. Lebreton, C., Lazić-Jančić, V., Steed, A., Pekić, S., Quarrie, S.A. (1995): Identification of QTL for drought responses in maize and their use in testing causal relationships between traits. *Journal of Experimental Botany* 46(288):853 – 865
77. Lee, M., Sharopova, N., Beavis, N., Grant, W.D., Katt, M., Blair, D., Hallauer, A.R. (2002): Expanding the genetic map of maize with the intermated B73 × Mo17 (IBM) population. *Plant Molecular Biology* 48:453-461
78. Li, W.J., Liu, Z.Z., Shi, Y.S, Song, Y.C., Wang, T.Y., Xu, C.W., Li, Y. (2010): Detection of Consensus Genomic Region of QTLs Relevant to Drought-Tolerance in Maize by QTL Meta-Analysis and Bioinformatics Approach. *Acta Agronomica Sinica* 36(9): 1457 – 1467, DOI: 10.1016/S1875-2780(09)60072-9
79. Li, J.Z., Zhang, Z.W., Li, Y.L., Wang, Q.L., Zhou, Y.G. (2011): QTL consistency and meta-analysis for grain yield components in three generations in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 122:771-782, DOI: 10.1007/s00122-010-1485-4
80. Li, Y., Dong, Y., Yang, M., Wang, Q., Shi, Q., Zhou, Q., Deng, F., Ma, Z., Qiao, D., Xu, H. (2014): QTL Detection for Grain Water Relations and Genetic Correlations with Grain Matter Accumulation at Four Stages after Pollination in Maize. *Plant Biochemistry and Physiology* 2, DOI: 10.4172/2329-9029.1000121
81. Li, L., Long, Y., Zhang, L., Dalton-Morgan, J., Batley, J., Yu, L., Meng, J., Li, M. (2015): Genome Wide Analysis of Flowering Time Trait in Multiple Environments via HighThroughput Genotyping Technique in *Brassica napus* L. *PLoSone* 10(3): e0119425, DOI: 10.1371/journal.pone.0119425
82. Lian, L., Jacobson, A., Zhong, S., Bernardo, R. (2015): Genomewide Prediction Accuracy within 969 Maize Biparental Populations *Crop Science* 54:1514-1522, DOI: 10.2135/cropsci2013.12.0856

83. Liming, X., Xueliang, S. (2004): High-yield cellulase production by *Trichoderma reesei* ZU-02 on corn cob residue. *Bioresource Technology* 91:259-262, DOI: 10.1016/S0960-8524(03)00195-0
84. Lobell, D.B., Roberts, M.J., Schlenker, W., Braun, N., Little, B.B., Rejesus, R.M., Hammer, G.L. (2014): Greater Sensitivity to Drought Accompanies Maize Yield Increase in the U.S. Midwest. *Science* 344:516-519, DOI: 10.1126/science.1251423
85. Malik, H.N., Malik, S.I., Hussain, M., Chughtai, S.R., Jabib, I.J. (2005): Genetic Correlation among Various Quantitative Characters in Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. *Journal of Agriculture and Social Sciences* 1:262-265
86. Martinez, A.K., Soriano, J.M., Tuberosa, R., Komproglou, R., Jahrman, T., Salvi, S. (2016): Yield QTLome distribution correlates with gene density in maize. *Plant Science* 242:300-309, DOI: 10.1016/j.plantsci.2015.09.022
87. Marton, L.C., Szieberth, D., Csürös, M. (2004) New method to determine fao number of maize (*Zea mays* L.). *Genetika* 36:83-92, DOI: 10.2298/GENSR0401083M
88. Maurer, A., Draba, V., Jiang, Y., Schnaithmann, F., Sharma, R., Schumann, E., Kilian, B., Reif, J.C., Pillen, K. (2015): Modelling the genetic architecture of flowering time control in barley through nested association mapping. *BMC Genomics* 16:290, DOI: 10.1186/s12864-015-1459-7
89. Massman, J.M., Gordillo, A., Lorenzana, R.E., Bernardo, R. (2013); Genomewide predictions from maize single-cross data. *Theoretical and Applied Genetics* 126:13-22, DOI: 10.1007/s00122-012-1955-y
90. McClintock, B. (1965): The control of gene action in maize. *Brookhaven Symposia in Biology* 18:162–184
91. McClintock, B. (1941): The Stability of Broken Ends of Chromosomes in *Zea mays*. *Genetics* 26:234–282
92. McClintock, B. (1950): The Origin and Behavior of Mutable Loci in Maize. *PNAS* 36:344–355
93. McClintock, B. (1953): Induction of instability at selected loci in Maize. *Genetics* 38:579–599
94. Mendes-Moreira, P., Alves, M.L., Satovic, Z., dos Santos, J.P., Santos, J.N., Souza, J.C., Pego, S.E., Hallauer, A.R., Vaz Patto, M.C. (2015): Genetic Architecture of Ear

- Fasciation in Maize (*Zea mays* L.) under QTL Scrutiny. PLOSone 10(4): e0124543, DOI: 10.1371/journal.pone.0124543
95. Messmer, R., Fracheboud, Y., Bänziger, M., Vargas, M., Stamp, P., Ribaut, J.M. (2009): Drought stress and tropical maize: QTL-by-environment interactions and stability of QTLs across environments for yield components and secondary traits. *Theoretical and Applied Genetics* 119:913-930, DOI: 10.1007/s00122-009-1099-x
 96. Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M.E. (2001): Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics* 157:1819-1829
 97. Mickelbart, M.V., Hasegawa, P.M., Bailey-Serres, J. (2015): Genetic mechanisms of abiotic stress tolerance that translate to crop yield stability. *Nature Reviews* 16:237-251, DOI: 10.1038/nrg3901
 98. Mikel, M.A. (2011): Genetic Composition of Contemporary U.S. Commercial Dent Corn Germplasm. *Crop Science* 51:592-599, DOI: 10.2135/cropsci2010.06.0332
 99. Moose, S.P., Mumm, R.H. (2008): Molecular Plant Breeding as the Foundation for 21st Century Crop Improvement. *Plant Physiology* 147:969-977, DOI: 10.1104/pp.108.118232
 100. Neuffer, M.G., England, D. (1995): Induced mutations with confirmed locations. *Maize Genetics Cooperation Newsletter* 69:43-46
 101. Nielsen, R.L. (2005): Field Drydown of Mature Corn Grain. *Corny News Network*, Purdue University
 102. Nielsen, R., Paul, J.S., Albrechtsen, A., Song, Y.S. (2011): Genotype and SNP calling from next-generation sequencing data. *Nature Reviews Genetics* 12(6):443-451, DOI: 10.1038/nrg2986
 103. Ober, E.S., Setter, T.L., Madison, J.T., Thompson, J.F., Shapiro, P.S. (1991): Influence of Water Deficit on Maize Endosperm Development. *Plant Physiology* 97:154-164
 104. Peixoto, L.A., Bhering, L.L., Cruz, C.D. (2016): Determination of the optimal number of markers and individuals in a training population necessary for maximum prediction accuracy in F₂ populations by using genomic selection models. *Genetics and Molecular Research* 15(4): gmr15048874, DOI: 10.4238/gmr15048874
 105. Peng, B., Li, Y., Wang, Y., Liu, C., Liu, Z., Tan, W., Zhang, Y., Wang, D., Shi, Y., Sun, B., Song, Y., Wang, T., Li, Y. (2011): QTL analysis for yield components and kernel-

- related traits in maize across multi-environments. *Theoretical and Applied Genetics* 122:1305-1320, DOI: 10.1007/s00122-011-1532-9
106. Piepho, H.P., Möhring, J. (2007): Computing Heritability and Selection Response From Unbalanced Plant Breeding Trials. *Genetics* 177:181–1888, DOI: 10.1534/genetics.107.074229
 107. Piepho, H.P. (2009): Ridge Regression and Extensions for Genomewide Selection in Maize. *Crop Science* 49:1165-1176, DOI: 10.2135/cropsci2008.10.0595
 108. R Core Team (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
 109. Ray, J., Gesch, R.W., Sinclair, T.R., Allen, L.H. (2002): The effect of vapor pressure deficit on maize transpiration response to a drying soil. *Plant and Soil* 239:113-121, DOI: 10.1023/A:1014947422468
 110. Sala, R.G., Andrade, F.H., Camadro, E.L., Ceron, J.C. (2006): Quantitative trait loci for grain moisture at harvest and field grain drying rate in maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 112:462-471, DOI: 10.1007/s00122-005-0146
 111. Samayoa, L.F., Butron, A., Malvar, R.A. (2014): QTL mapping for maize resistance and yield under infestation with *Sesamia nonagrioides*. *Molecular Breeding* 34:1331-1334, DOI: 10.1007/s11032-014-0119-y
 112. Schmidt, R.J., Veit, B., Mandel, M.A., Mena, M., Hake, S., Yanofsky, M.F. (1993): Identification and Molecular Characterization of ZAG1, the Maize Homolog of the Arabidopsis Floral Homeotic Gene AGAMOUS. *The Plant Cell* 5:729-737
 113. Schnable, J.C., Freeling, M. (2011): Genes Identified by Visible Mutant Phenotypes Show Increased Bias toward One of Two Subgenomes of Maize. *PLOSone* 6(3): e17855, DOI: 10.1371/journal.pone.0017855
 114. Schön, C.C., Melchinger, A.E., Boppenmaier, J., Brunklaus-Jung, E., Herrman, R.G., Seitzer, J.F. (1993): RFLP Mapping in Maize: Quantitative Trait Loci Affecting Testcross Performance of Elite European Flint Lines. *Crop Science* 34(2):378-389
 115. Semagn, K., Beyene, Y., Wartburton, M.L., Tarekegne, A., Mugo, S., Meisel, B., Sehabiague, P., Prasanna, B.M. (2013): Meta-analyses of QTL for grain yield and anthesis silking interval in 18 maize populations evaluated under water-stressed and well-watered environments. *BMC Genomics* 14:313, DOI: 10.1186/1471-2164-14-313

116. Sibov, S.T., De Souza Jr., C.L., Garcia, A.A.F., Silva, A.R., Benchimol, L.L., de Souza, A.P. (2003): Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 2. Quantitative trait loci (QTL) for grain yield, plant height, ear height and grain moisture. *Hereditas* 139:107-115
117. Soller, M., Brody, T., Genizi, A. (1979): The Expected Distribution of Marker-linked Quantitative Effects in Crosses Between Inbred Lines. *Heredity* 43(2):179-190
118. Song, J., Guo, B., Song, F., Peng, H., Yao, Y., Zhang, Y., Sun, Q., Ni, Z. (2011): Genome-wide identification of gibberellins metabolic enzyme genes and expression profiling analysis during seed germination in maize. *Gene* 482:34-42
119. Svečnjak, Z., Barenić, S., Varga, B., Jareš, D. (2012): Nakupljanje toplotnih jedinica od sjetve do fiziološke zrelosti hibrida kukuruza FAO skupina 200-500, *Sjemenarstvo* 29:25-36
120. Szalma, S.J., Hostert, B.M., LeDeaux, J.R., Stuber, C.W., Holland, J.B. (2007): QTL mapping with near-isogenic lines in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 114:1211-1228, DOI: 10.1007/s00122-007-0512-6
121. Šimić, D., Lepeduš, H., Jurković, V., Antunović, J., Cesar, V. (2014): Quantitative genetic analysis of chlorophyll a fluorescence parameters in maize in the field environments. *Journal of Integrative Plant Botany* 56(7):695-708, DOI: 10.1111/jipb.12179
122. Torkamaneh, D., Laroche, J., Belzile, F. (2016): Genome-Wide SNP Calling from Genotyping by Sequencing (GBS) Data: A Comparison of Seven Pipelines and Two Sequencing Technologies. *PlosONE* 11(8): e0161333, DOI: 10.1371/journal.pone.0161333
123. Upadyayula, N., da Silva, H.S., Bohn, M., Rocheford, T.R. (2006): Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. *Theoretical and Applied Genetics* 112:592-606, DOI: 10.1007/s00122-005-0133-x
124. Troyer, A.F., Ambrose, W.B. (1971): Plant Characteristics Affecting Field Drying Rate of Ear Corn. *Crop Science* 11(4):529-531
125. Veldboom, L.R., Lee, M., Woodman, W.L. (1994): Molecular marker-facilitated studies in an elite maize population: I. Linkage analysis and determination of QTL for morphological traits. *Theoretical and Applied Genetics* 88:7-16

126. Veldboom, L.R., Lee, M. (1996): Genetic Mapping of Quantitative Trait Loci in Maize in Stress and Nonstress Environments: I. Grain Yield and Yield Components. *Crop Science* 36:1310-1319, DOI: 10.2135/cropsci1996.0011183X003600050040x
127. Vroh BI, I., McMullen, M.D., Sanchez-Villeda, H., Schroeder, S., Gardiner, J., Pollaco, M., Soderlund, C., Wing, R., Fang, Z., Coe, E.H. Jr. (2006): Single Nucleotide Polymorphisms and Insertion–Deletions for Genetic Markers and Anchoring the Maize Fingerprint Contig Physical Map. *Crop Science* 46:12-21, DOI: 10.2135/cropsci2004.0706
128. Wilaipon, P. (2007): Physical Characteristics of Maize Cob Briquette under Moderate Die Pressure. *American Journal of Applied Sciences* 4:995-998, DOI: 10.3844/ajassp.2007.995.998
129. Wilhelm, E.P., Mullen, R.E., Keeling, P.L., Singletary, G.W. (1999): Heat Stress during Grain Filling in Maize: Effects on Kernel Growth and Metabolism. *Crop science* 39:733-1741
130. Xia, H., Yandeu-Nelson, M., Thompson, D.B., Gultinan, M.J. (2011): Deficiency of maize starch-branching enzyme i results in altered starch fine structure, decreased digestibility and reduced coleoptile growth during germination. *BMC Plant Biology* 11:95, DOI: 10.1186/1471-2229-11-95
131. Xiao, Y.N., Li, X.H., George, M.L., Li, M.S., Zhang, S.H., Zheng, Y.L. (2005): Quantitative Trait Locus Analysis of Drought Tolerance and Yield in Maize in China. *Plant Molecular Biology Reporter* 23:155-165
132. Xiao, Y., Tong, H., Yang, X., Xu, S., Pan, Q., Quiao, F., Raihan, M.S., Luo, Y., Liu, H., Zhang, X., Yang, N., Wang, X., Deng, M., Jin, M., Zhao, L., Luo, X., Zhou, Y.; Li, X., Liu, J., Zhan, W., Liu, N., Wang, H., Chen, G., Cai, Y., Xu, G., Wang, W., Zheng, D., Yan, J. (2016): Genome-wide dissection of the maize ear genetic architecture using multiple populations. *New Phytologist* 210:1095-1106, DOI: 10.1111/nph.13814
133. Xiaoyang, W., Dan, C., Yuqing, L., Weihua, L., Xinming, Y., Xiuquan, L., Juan, D., Lihui, L. (2017): Molecular characteristics of two new waxy mutations in China waxy maize. *Molecular Breeding* 37: 27, DOI: 10.1007/s11032-016-0612-6

134. Xie, H., Ding, D., Cui, Z., Wu, X., Hu, Y., Liu, Z., Li, Y., Tang, J. (2010): Genetic analysis of the related traits of flowering and silk for hybrid seed production in maize. *Genes and Genomics* 32:55-61, DOI: 10.1007/s13258-010-0801-3
135. Yu, J., Bernardo, R. (2004): Changes in Genetic Variance during Advanced Cycle Breeding in Maize. *Crop Science* 44:405–410, DOI: 10.2135/cropsci2004.4050
136. Yu, Y.T., Li, G.K., Yang, Z.L., Hu, J.G., Zheng, J.R., Qi, X.T. (2014): Identification of a major quantitative trait locus for ear size induced by space flight in sweet corn. *Genetics and Molecular Research* 13(2):3069 – 3078, DOI: 10.4238/2014.April.17.3
137. Yuan, L., Tang, J., Wang, X., Li, C. (2012): QTL Analysis of Shading Sensitive Related Traits in Maize under Two Shading Treatments. *PLoSone* 7(6): e38696 DOI: 10.1371/journal.pone.0038696
138. White, C.N., Proebsting, W.M., Hedden, P., Rivin, C.J. (2000): Gibberellins and Seed Development in Maize. I. Evidence That Gibberellin/Abscisic Acid Balance Governs Germination versus Maturation Pathways. *Plant Physiology* 122:1081-1088
139. Zeegers, M., Rijdsdijk, F., Sham, P. (2004): Adjusting for Covariates in Variance Components QTL Linkage Analysis. *Behavioral Genetics* 34:127–133, DOI: 0001-8244/04/0300-0127/0
140. Zeng, Z.B. (1994): Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics* 136(4):1457-1468
141. Zhang, Z., Liu, Z., Cui, Z., Hu, Y., Wang, B., Tang, J. (2013): Genetic Analysis of Grain Filling Rate Using Conditional QTL Mapping in Maize. *PLoSone* 8(2): e56344, DOI: 10.1371/journal.pone.0056344
142. Zhang, Y., Jansen, C., Liu, H., Gonzalez-Portilla, P.J., Lauter, N., Kumar, B., Trucillo-Silva, I., San Martin, J.P., Lee, M., Simcox, K., Schlusser, J., Dhugga, K., Lubberstedt, T. (2015): Genetic and agronomic assessment of cob traits in corn under low and normal nitrogen management conditions. *Theoretical and Applied Genetics* 128:1231-1242, DOI: 0.1007/s00122-015-2486-0
143. Zhao, W., Canaran, P., Jurkuta, R., Fulton, T., Glaubitz, J., Buckler, E., Doebley, J., Gaut, B., Goodman, M., Holland, J., Kresovich, S., McMullen, M., Stein, L., Ware, D. (2006): Panzea: a database and resource for molecular and functional diversity in the maize genome. *Nucleic Acid Research* 34:752-757, DOI: 10.1093/nar/gkj011

144. Ziyomo, C., Bernardo, R. (2013): Drought Tolerance in Maize: Indirect Selection through Secondary Traits versus Genomewide Selection. *Crop Science* 53:1269-1273, DOI: 10.2135/cropsci2012.11.0651

8. Sažetak

Oplemenjivanje kukuruza je proces ciljanog povećanja frekvencije poželjnih alela nepoznatog broja gena u poznatoj genetskoj osnovi. Niska heritabilnost fenotipa smanjuje učinkovitost oplemenjivanja za kvantitativna svojstva, pa su stoga razvijene metode selekcije potpomognute markerima koji pokazuju visoku heritabilnost. Genomska selekcija je metoda kojom se na temelju ostvarenih fenotipskih vrijednosti korištenjem hrbatne regresije izračunavaju fenotipski učinci markera, pa predviđeni fenotip sadrži samo varijancu realiziranih genetskih veza. Ciljevi ovog istraživanja bili su: (1) istražiti postojanje kromosomskih regija povezanih s svojstvima prinosa zrna, vlaga zrna i udio oklaska prinosu, (2) provesti genomsku selekciju za ova svojstva u testkrižancima IBM populacije korištenjem hrbatne regresije, (3) usporediti rezultate genomskih predviđanja sa dvije mape različite gustoće i (4) usporediti rezultate QTL analize sa opaženim podacima i s predviđenim vrijednostima. Za provedbu istraživanja korišteni su testkrižanci linija populacije *IBMSyn4*. Godina 2014. i 2015. pokus sa 191 testkrižancem i roditeljskim komponentama je postavljen u pet okolina (3 u Osijeku, 2 u Ayvaliku, Turska). Godine 2016. 179 testkrižanaca zajedno s testkrižancima roditeljskih linija je posijano u dvije okoline (1 u Osijeku, 1 u Ayvaliku). Genomska predviđanja provedena su rrBLUP modelom hrbatne regresije i dva različita seta molekularnih markera: mješoviti set s 2178 genetski kartiranih markera i SNP set s ~1M markera koji nisu genetski kartirani. QTL analiza provedena je korištenjem stupnjevite regresije i mješovitog seta genetski kartiranih markera na četiri seta predviđenih ili opaženih fenotipskih podataka. Između vrijednosti izračunatih na temelju dva seta korištena za provedbu genomskih predviđenja detektirane su vrlo visoke korelacije. Korištenjem setova s opaženim i mješanim opaženim i predviđenim vrijednostima (setovi 1-3) detektirano je 6/7/2, 47/48/52, tj. 11/14/0 lokusa za udio oklaska, udio vode i prinos zrna. Korištenje rrBLUP predviđenih podataka (set 4) za QTL kartiranje rezultiralo je povećanjem broja detektiranih lokusa na 229/190/213, na svih 10 kromosoma. Uzrok povećanoj mogućnosti detekcije lokusa bilo uklanjanje svih izvora variranja iz fenotipa osim varijance realiziranih genetskih veza. Najizraženije razlike između okolina na dvije lokacije u srpnju i kolovozu detektirane su u parametrima VPD i količina oborina. VPD se pokazao kao vrlo važan parametar za odvajanje okolina kod oplemenjivanja kukuruza za toleranciju na stres. S ciljem implementacije metode kartiranja lokusa u predviđenom fenotipu, te korištenja detektiranih stabilnih lokusa za toleranciju na stres u praktičnom oplemenjivanju kukuruza, daljnja istraživanja trebaju biti provedena.

9. Summary

Maize breeding is a process of intentional increase of favorable alleles of unknown number of genes in known genetic background. Low heritability of the phenotype reduces the efficiency of breeding for quantitative traits, so methods of marker-assisted selection based on high-heritability marker data have been developed. Genomewide selection is a method used to predict marker effects on the phenotype by the means of ridge regression, based on observed phenotypic values, so that the predicted phenotype contains only the variance of realized genetic relations. The objectives of this study were: (1) to investigate the existence of chromosomal regions affecting traits grain yield, grain water content and share of cob in total yield, (2) to conduct the genomewide selection for these traits in testcrosses of maize IBM population using ridge regression, (3) to compare the results of genomewide predictions calculated with two different sets of genetic marker data, and (4) to compare the results of QTL analysis with observed and predicted phenotypic values. Testcrosses of maize IBMSyn4 population were used to conduct the study. In years 2014 and 2015 experiment with 191 testcrosses was planted in 5 environments (3 in Osijek, and 2 in Ayvalik, Turkey). In 2016, 179 testcrosses were planted in two environments (1 in Osijek and 1 in Ayvalik). Genomewide predictions were performed using rrBLUP model and two different genetic marker sets: mixed marker set with 2178 genetically mapped markers, and SNP with ~1M markers that were not genetically mapped. QTL analysis was performed using mixed marker set and four different sets of phenotypic data with mixed predicted and observed values. Strong correlation coefficients were observed between the phenotypic data predicted using different sets of markers. Using sets of data with mixed observed and predicted values (sets 1-3) resulted in detection of 6/7/2, 47/48/52 and 11/14/0 for cob share, grain moisture and yield. Mapping in data set consisting only of predicted phenotype (set 4) resulted with detection of 229/190/213 loci. The reason for the increase in power of detection was shrinking the phenotypic variance only to variance of realized genetic relationships. Differences between the environments in months of July and August were most pronounced in two climatological parameters: VPD (*Vapor Pressure Deficit*), and precipitation amount. VPD was shown to be a reliable parameter for environment differentiation in breeding for stress tolerance. In order to implement the method of QTL mapping in predicted phenotype, and use the detected stable loci in practical maize breeding for stress tolerance, further research needs to be conducted.

PRILOZI

Prilog 1. R programska skripta za izračun genomskih predviđanja i procjenu njihove točnosti

```
setwd("C:/Users/path")
library(rrBLUP)
library(Hmisc)

g101 <- read.delim("clipboard", header = F)
g101 <- g101[,-c(1)]
gm <- as.matrix(g101)

gmimp <- A.mat(gm, max.missing = 0,5, impute.method = "mean", return.imputed =
T)
gmimp <- gmimp$imputed

train1415 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = F)) # training set
2014 i 2015
pred1415 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = F)) # Prediction set za
2014 i 2015

train16 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = F)) # training set 2016
pred16 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = F)) # training set 2016

pheno1415 <- read.delim("clipboard", header = T)
pheno16 <- read.delim("clipboard", header = T)

## rrBLUP za 2014 i 2015

ph_tr <- pheno1415[train1415,]
m_train <- gmimp[train1415,]
ph_pred <- pheno1415[pred1415,]
m_pred <- gmimp[pred1415,]

r1415 <- as.data.frame(pred1415)

  for(i in 2:ncol(ph_tr)){
    fit <- mixed.solve(ph_tr[,i] , Z = m_train, K = NULL, SE =F,
return.Hinv = F)
    FA <- fit$u
    e <- as.matrix(FA)
    pred_valid <- m_pred %*% e
    pred <- (pred_valid[,1]) + fit$beta
    r1415 <- cbind(r1415, pred)
  }

## rrBLUP za 2016

ph_tr16 <- pheno16[train16,]
m_train16 <- gmimp[train16,]
ph_pred16 <- pheno16[pred16,]
m_pred16 <- gmimp[pred16,]
```



```

r16 <- as.data.frame(pred16)

for(i in 2:ncol(ph_tr16)){
  fit <- mixed.solve(ph_tr16[,i] , Z = m_train16, K = NULL, SE =F, return.Hinv = F)
  FA <- fit$u
  e <- as.matrix(FA)
  pred_valid <- m_pred16 %*% e
  pred <- (pred_valid[,1]) + fit$beta
  r16 <- cbind(r16, pred)
}

## 276 procjenjenih vrijednosti za 2014 i 2015

r1415_276 <- as.data.frame(seq(276))

for(i in 2:ncol(ph_tr)){
  fit <- mixed.solve(ph_tr[,i] , Z = m_train, K = NULL, SE =F, return.Hinv = F)
  FA <- fit$u
  e <- as.matrix(FA)
  pred_valid <- gmimp %*% e
  pred <- (pred_valid[,1]) + fit$beta
  r1415_276 <- cbind(r1415_276, pred)
}

## 276 procjenjenih vrijednosti za 2016

r16_276 <- as.data.frame(seq(276))

for(i in 2:ncol(ph_tr16)){
  fit <- mixed.solve(ph_tr16[,i] , Z = m_train16, K = NULL, SE =F, return.Hinv = F)
  FA <- fit$u
  e <- as.matrix(FA)
  pred_valid <- gmimp %*% e
  pred <- (pred_valid[,1]) + fit$beta
  r16_276 <- cbind(r16_276, pred)
}

## Ispis file-ova s vrijednostima

write.csv(r1415, file = "1_1415_85_BLUPS_2178,csv")
write.csv(r1415_276, file = "2_1415_276_BLUPS_2178,csv")
write.csv(r16, file = "3_16_97_BLUPS_2178,csv")
write.csv(r16_276, file = "4_16_276_BLUPS_2178,csv")

#####
#Korelacije između BLUP-ova predviđenih na temelju 2178 i ~1M markera

cdat85 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = T))
cor85 <- rcorr(cdat85[,2:ncol(cdat85)])
c85 <- rbind(cor85$r,cor85$P)
write.csv(c85, file = "5_corr_85,csv")

cdat97 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = T))
cor97 <- rcorr(cdat97[,2:ncol(cdat97)])

```

```

c97 <- cbind(cor97$r, cor97$P)
write.csv(c97, file = "6_corr_97.csv")

cdat276 <- as.matrix(read.delim("clipboard", header = T))
cor276 <- rcorr(cdat276[,2:ncol(cdat276)])
c276 <- cbind(cor276$r, cor276$P)
write.csv(c276, file = "7_corr_276.csv")

## Učinkovitost GS za 2014 i 2015

Pheno_1415_191 <- pheno1415[train1415,]
Mar2178_191 <- gm[train1415,]
cycles = 500
accuracy_1415 <- matrix(nrow=cycles, ncol=ncol(Pheno_1415_191) - 1)

for(k in 2:ncol(Pheno_1415_191)){
  for(r in 1:cycles){
    train <- as.matrix(sample(1:191, 20))
    test <- setdiff(1:191, train)
    Pheno_train <- Pheno_1415_191[train,]
    Pheno_test <- Pheno_1415_191[test,]
    m_train <- Mar2178_191[train,]
    m_test <- Mar2178_191[test,]
    trait <- Pheno_train[,k]
    trait_ans <- mixed.solve(trait, Z = m_train, K = NULL, SE = F, return.Hinv =
F)

    e <- as.matrix(trait_ans$u)
    pred_tr_test <- m_test %*% e
    pred_tr <- (pred_tr_test[,1]) + trait_ans$beta
    tr_real <- Pheno_test[,k]

    accuracy_1415[r,k-1] <- cor(pred_tr, tr_real, use = "complete")
  }
}

## Učinkovitost GS za 2016

Pheno_2016_179 <- pheno16[train16,]
Mar2178_179 <- gm[train16,]
accuracy_16 <- matrix(nrow=cycles, ncol=ncol(Pheno_2016_179) - 1)

for(k in 2:ncol(Pheno_2016_179)){
  for(r in 1:cycles){
    train <- as.matrix(sample(1:179, 18))
    test <- setdiff(1:179, train)
    Pheno_train <- Pheno_2016_179[train,]
    Pheno_test <- Pheno_2016_179[test,]
    m_train <- Mar2178_179[train,]
    m_test <- Mar2178_179[test,]
    trait <- Pheno_train[,k]

```

```

    trait_ans <- mixed.solve(trait, Z = m_train, K = NULL, SE = F, return.Hinv
= F)
    e <- as.matrix(trait_ans$u)
    pred_tr_test <- m_test %*% e
    pred_tr <- (pred_tr_test[,1]) + trait_ans$beta
    tr_real <- Pheno_test[,k]

    accuracy_16[r,k-1] <- cor(pred_tr, tr_real, use = "complete")

  }
}
write.csv(accuracy_1415, file = "8_1_accuracy_of_GS_201415_2178.csv")
write.csv(accuracy_16, file = "8_2_accuracy_of_GS_2016_2178.csv")

```

Prilog 2. Ispis (*output*) izračuna iz R/qlt programske knjižnice pojedinačnih i kombiniranih analiza varijance svih detektiranih lokusa iz Tablice 13

Prilog 2.1. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za udio oklaska

Oklasak 14Na

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	9	66,15613	7,3506816	56,24035	60,87438	0	0
Error	266	42,52034	0,1598509				
Total	275	108,67648					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@401,3	1		7,481	9,714	6,884	46,80	0	5,39e-11	***
1@717,8	1		11,311	14,136	10,408	70,76	0	2,44e-15	***
2@314,4	1		4,499	6,028	4,140	28,15	0	2,37e-07	***
3@579,1	1		5,769	7,625	5,308	36,09	0	6,17e-09	***
4@333,2	1		6,391	8,392	5,881	39,98	0	1,08e-09	***
5@331,4	1		4,801	6,411	4,417	30,03	0	9,86e-08	***
8@220,6	1		5,830	7,701	5,365	36,47	0	5,19e-09	***
9@230,6	1		7,377	9,588	6,788	46,15	0	7,16e-11	***
9@500,1	1		7,678	9,949	7,065	48,03	0	3,16e-11	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,46283	0,02734	492,506
1@401,3	0,16939	0,02476	6,841
1@717,8	0,20775	0,02470	8,412
2@314,4	0,13721	0,02586	5,305
3@579,1	0,14953	0,02489	6,008
4@333,2	-0,15634	0,02472	-6,323
5@331,4	0,13490	0,02462	5,480
8@220,6	0,15483	0,02564	6,039
9@230,6	-0,16603	0,02444	-6,793
9@500,1	-0,17406	0,02511	-6,931

Oklasak 14Nb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	63,35496	7,0394404	51,68185	57,78237	0	0
Error	266	46,28915	0,1740193				
Total	275	109,64411					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@141,8	1		7,554	9,060	6,889	43,41	0	2,37e-10 ***
1@401,2	1		15,419	17,231	14,062	88,60	0	< 2e-16 ***
4@305,2	1		6,377	7,735	5,816	36,64	0	4,81e-09 ***
5@328,5	1		13,672	15,510	12,469	78,56	0	< 2e-16 ***
6@145,7	1		3,085	3,867	2,814	17,73	0	3,49e-05 ***
6@513,8	1		5,024	6,176	4,582	28,87	0	1,69e-07 ***
8@228,6	1		3,822	4,755	3,486	21,96	0	4,44e-06 ***
9@320,2	1		14,840	16,666	13,535	85,28	0	< 2e-16 ***
9@528,9	1		5,905	7,196	5,386	33,94	0	1,64e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,27947	0,02750	482,815
1@141,8	0,17194	0,02610	6,588
1@401,2	0,24303	0,02582	9,413
4@305,2	-0,16281	0,02690	-6,053
5@328,5	0,23054	0,02601	8,864
6@145,7	0,10821	0,02570	4,210
6@513,8	-0,14780	0,02751	-5,373
8@228,6	0,12437	0,02654	4,687
9@320,2	-0,24170	0,02617	-9,235
9@528,9	-0,15278	0,02623	-5,825

Oklasak 14Navg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	10	60,96842	6,0968424	57,86729	61,9222	0	0
Error	265	37,49129	0,1414766				
Total	275	98,45971					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@401,2	1		11,378	15,884	11,556	80,42	0	< 2e-16	***	
1@720,3	1		6,865	10,078	6,973	48,53	0	2,57e-11	***	
2@314,4	1		2,973	4,574	3,020	21,02	0	7,03e-06	***	
3@579,5	1		2,674	4,130	2,716	18,90	0	1,96e-05	***	
4@332,4	1		4,664	7,027	4,737	32,97	0	2,56e-08	***	
5@328,5	1		7,560	11,009	7,678	53,44	0	3,16e-12	***	
6@510,6	1		2,789	4,300	2,833	19,71	0	1,32e-05	***	
8@231,2	1		2,867	4,416	2,912	20,26	0	1,01e-05	***	
9@320,2	1		8,776	12,606	8,914	62,03	0	8,73e-14	***	
9@528,9	1		6,030	8,938	6,124	42,62	0	3,37e-10	***	

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,41103	0,02609	513,974
1@401,2	0,20969	0,02338	8,968
1@720,3	0,16164	0,02320	6,966
2@314,4	0,11314	0,02468	4,584
3@579,5	0,10226	0,02352	4,348
4@332,4	-0,13445	0,02342	-5,742
5@328,5	0,17139	0,02345	7,310
6@510,6	-0,10679	0,02405	-4,440
8@231,2	0,10827	0,02405	4,502
9@320,2	-0,18633	0,02366	-7,876
9@528,9	-0,15428	0,02363	-6,528

Oklasak 14Ha

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	8	64,05678	8,0070977	56,65773	61,14591	0	0
Error	267	40,70375	0,1524485				
Total	275	104,76053					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@143,5	1		4,707	6,559	4,493	30,88	0	6,65e-08	***
1@401,3	1		10,942	14,269	10,445	71,77	0	1,67e-15	***
4@332,4	1		8,156	10,946	7,786	53,50	0	3,02e-12	***
5@161,6	1		5,626	7,759	5,370	36,90	0	4,26e-09	***
5@328,5	1		11,694	15,136	11,163	76,71	0	2,22e-16	***
7@410,5	1		6,624	9,036	6,323	43,45	0	2,32e-10	***
9@223,9	1		5,301	7,338	5,060	34,77	0	1,12e-08	***
9@320,6	1		12,724	16,302	12,145	83,46	0	< 2e-16	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,72798	0,02538	501,498
1@143,5	0,13308	0,02395	5,557
1@401,3	0,20318	0,02398	8,472
4@332,4	-0,17718	0,02422	-7,314
5@161,6	0,14847	0,02444	6,075
5@328,5	0,21253	0,02427	8,758
7@410,5	0,16140	0,02449	6,592
9@223,9	-0,14851	0,02518	-5,897
9@320,6	-0,22668	0,02481	-9,136

Oklasak 14Hb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	7	59,30643	8,4723474	45,16363	52,93183	0	0

Error 268 52,73660 0,1967784
 Total 275 112,04303

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@412,6	1		10,855	11,218	9,688	55,17	0	1,48e-12	***
1@685,2	1		7,859	8,326	7,015	39,94	0	1,09e-09	***
3@575,6	1		6,097	6,557	5,442	30,98	0	6,31e-08	***
4@332,4	1		5,238	5,675	4,675	26,62	0	4,83e-07	***
5@331,4	1		7,696	8,164	6,869	39,11	0	1,57e-09	***
9@230,6	1		11,675	11,986	10,420	59,33	0	2,59e-13	***
9@528,9	1		10,017	10,422	8,940	50,90	0	9,07e-12	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,11849	0,02801	468,308
1@412,6	0,20167	0,02715	7,427
1@685,2	0,17876	0,02829	6,320
3@575,6	0,15925	0,02861	5,566
4@332,4	-0,14111	0,02735	-5,159
5@331,4	0,17111	0,02736	6,254
9@230,6	-0,21131	0,02743	-7,703
9@528,9	-0,19622	0,02750	-7,135

Oklasak 14Havg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	7	59,37065	8,4815213	50,27328	56,77839	0	0
Error 268		45,19492	0,1686378				
Total 275		104,56557					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@401,3	1		10,513	12,534	10,054	62,34	0	7,44e-14	***
4@332,4	1		7,110	8,756	6,799	42,16	0	4,06e-10	***
5@189,8	1		6,781	8,378	6,485	40,21	0	9,65e-10	***

5@328,5	1	10,657	12,689	10,192	63,19	0	5,24e-14	***
7@408,4	1	6,333	7,859	6,056	37,55	0	3,17e-09	***
9@320,6	1	16,573	18,723	15,850	98,28	0	< 2e-16	***
9@528,9	1	7,002	8,633	6,697	41,52	0	5,38e-10	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,93767	0,02632	491,491
1@401,3	0,19819	0,02510	7,896
4@332,4	-0,16501	0,02541	-6,493
5@189,8	0,16278	0,02567	6,341
5@328,5	0,20342	0,02559	7,950
7@408,4	0,15873	0,02590	6,128
9@320,6	-0,25106	0,02532	-9,913
9@528,9	-0,16692	0,02590	-6,444

Oklasak 150S

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	7	56,99969	8,142813	45,4265	53,13782	0	0
Error	268	50,26795	0,187567				
Total	275	107,26764					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@170,0	1	4,647	5,299	4,332	24,77	0	1,15e-06 ***
1@401,2	1	7,262	8,087	6,770	38,72	0	1,88e-09 ***
4@584,5	1	5,581	6,310	5,203	29,76	0	1,11e-07 ***
5@328,5	1	5,197	5,897	4,845	27,71	0	2,89e-07 ***
8@231,2	1	13,808	14,546	12,873	73,62	0	7,77e-16 ***
9@24,3	1	7,257	8,082	6,766	38,69	0	1,90e-09 ***
9@230,6	1	8,311	9,171	7,748	44,31	0	1,58e-10 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
                est          SE          t
Intercept 13,63608  0,02877  473,918
1@170,0    0,13194  0,02651   4,977
1@401,2    0,16649  0,02676   6,222
4@584,5   -0,16562  0,03036  -5,455
5@328,5    0,14045  0,02668   5,264
8@231,2    0,23092  0,02691   8,580
9@24,3     0,16776  0,02697   6,220
9@230,6   -0,17737  0,02664  -6,657

```

Oklasak 14150S

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8

```

                df          SS          MS          LOD          %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
Model          8 51,01850  6,3773125  47,90264  55,0345          0          0
Error        267 41,68426  0,1561208
Total        275 92,70276

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
                df Type  III SS          LOD          %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@401,3      1      10,098 13,001 10,893   64,68          0  2,89e-14 ***
1@685,2      1       4,126  5,656  4,451   26,43          0  5,30e-07 ***
2@313,5      1       3,466  4,786  3,738   22,20          0  3,96e-06 ***
3@579,5      1       3,827  5,264  4,128   24,51          0  1,31e-06 ***
4@332,4      1       3,507  4,841  3,783   22,46          0  3,49e-06 ***
5@328,5      1       7,216  9,569  7,784   46,22          0  6,89e-11 ***
9@230,6      1      10,331 13,270 11,144   66,17          0  1,58e-14 ***
9@528,9      1       8,873 11,566  9,572   56,84          0  7,41e-13 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
                est          SE          t
Intercept 13,29338  0,02636  504,241
1@401,3    0,19540  0,02430   8,042
1@685,2    0,12982  0,02525   5,141
2@313,5    0,12030  0,02553   4,711
3@579,5    0,11984  0,02421   4,951
4@332,4   -0,11605  0,02449  -4,739
5@328,5    0,16692  0,02455   6,799

```

```

9@230,6    -0,19871  0,02443  -8,135
9@528,9    -0,18451  0,02447  -7,539

```

Oklasak 160Sa

fitqtl summary

```

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

```

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	0,3748339	0,0312361600	70,02651	68,91424	0	0
Error	263	0,1690797	0,0006428886				
Total	275	0,5439136					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@690,5	1	0,02253	7,497	4,142	35,04	0	1,00e-08 ***
2@575,4	1	0,02669	8,783	4,906	41,51	0	5,56e-10 ***
3@152,7	1	0,01285	4,389	2,362	19,98	0	1,16e-05 ***
3@283,9	1	0,02245	7,473	4,128	34,93	0	1,06e-08 ***
4@349,8	1	0,03609	11,594	6,634	56,13	0	1,03e-12 ***
4@623,4	1	0,02863	9,375	5,264	44,53	0	1,47e-10 ***
5@499,7	1	0,02227	7,417	4,095	34,65	0	1,20e-08 ***
6@267,7	1	0,03947	12,573	7,256	61,39	0	1,16e-13 ***
7@379,0	1	0,01261	4,312	2,319	19,62	0	1,39e-05 ***
8@455,1	1	0,03005	9,803	5,524	46,74	0	5,65e-11 ***
9@226,3	1	0,04605	14,436	8,466	71,63	0	1,78e-15 ***
10@251,6	1	0,01478	5,022	2,717	22,99	0	2,73e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,525661	0,001756	7702,428
1@690,5	0,009698	0,001638	5,920
2@575,4	-0,010201	0,001583	-6,443
3@152,7	-0,007133	0,001596	-4,470
3@283,9	-0,009393	0,001589	-5,910
4@349,8	-0,012021	0,001605	-7,492
4@623,4	-0,011193	0,001677	-6,673
5@499,7	-0,009626	0,001635	-5,886
6@267,7	0,012465	0,001591	7,835

7@379,0	-0,007090	0,001601	-4,430
8@455,1	-0,010750	0,001572	-6,836
9@226,3	-0,013563	0,001603	-8,463
10@251,6	-0,007555	0,001576	-4,795

Oklasak 160Sb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	17,68190	1,96465578	49,50789	56,22288	0	0
Error	266	13,76775	0,05175847				
Total	275	31,44965					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F	value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@699,9	1		3,580	13,853	11,383	69,17	0	4,66e-15	***	
1@913,4	1		1,243	5,179	3,951	24,01	0	1,67e-06	***	
2@575,4	1		1,174	4,903	3,732	22,68	0	3,15e-06	***	
3@361,1	1		1,980	8,051	6,294	38,25	0	2,34e-09	***	
4@304,3	1		1,688	6,933	5,369	32,62	0	2,99e-08	***	
6@78,3	1		2,427	9,732	7,718	46,90	0	5,16e-11	***	
6@302,0	1		1,072	4,494	3,409	20,71	0	8,13e-06	***	
8@215,6	1		2,099	8,503	6,673	40,55	0	8,38e-10	***	
9@258,2	1		1,731	7,097	5,503	33,44	0	2,06e-08	***	

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,55612	0,01500	903,441
1@699,9	0,11810	0,01420	8,317
1@913,4	-0,06853	0,01399	-4,900
2@575,4	-0,06671	0,01401	-4,762
3@361,1	-0,08638	0,01397	-6,184
4@304,3	-0,08068	0,01413	-5,711
6@78,3	0,09625	0,01405	6,848
6@302,0	0,06589	0,01448	4,551
8@215,6	0,09264	0,01455	6,368
9@258,2	-0,08180	0,01415	-5,783

Oklasak 160Savg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	5,627380	0,62526448	51,58076	57,7111	0	0
Error	266	4,123569	0,01550214				
Total	275	9,750950					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@711,5	1		0,9075	11,921	9,307	58,54	0	3,67e-13 ***
2@575,4	1		0,5717	7,781	5,863	36,88	0	4,32e-09 ***
3@358,3	1		0,5203	7,121	5,335	33,56	0	1,95e-08 ***
4@349,8	1		0,4424	6,107	4,537	28,54	0	1,98e-07 ***
4@536,9	1		0,4662	6,420	4,782	30,08	0	9,66e-08 ***
5@493,7	1		0,4748	6,532	4,869	30,63	0	7,48e-08 ***
6@71,5	1		0,7968	10,588	8,171	51,40	0	7,45e-12 ***
6@247,8	1		0,5967	8,100	6,119	38,49	0	2,10e-09 ***
8@194,1	1		0,3804	5,289	3,901	24,54	0	1,30e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,536597	0,007939	1705,140
1@711,5	0,059211	0,007739	7,651
2@575,4	-0,047144	0,007763	-6,073
3@358,3	-0,044899	0,007750	-5,793
4@349,8	-0,041909	0,007845	-5,342
4@536,9	-0,041794	0,007621	-5,484
5@493,7	-0,043618	0,007881	-5,534
6@71,5	0,054602	0,007616	7,169
6@247,8	0,048029	0,007741	6,204
8@194,1	0,038790	0,007831	4,954

Oklasak OS SVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	6	26,97954	4,4965898	39,93254	48,63896	0	0
Error	269	28,48944	0,1059087				
Total	275	55,46898					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@401,2	1	5,270	10,172	9,500	49,76	0	1,47e-11 ***
1@726,1	1	3,050	6,096	5,499	28,80	0	1,73e-07 ***
4@332,4	1	3,951	7,784	7,123	37,31	0	3,52e-09 ***
5@328,5	1	5,991	11,439	10,801	56,57	0	8,13e-13 ***
9@320,2	1	6,309	11,989	11,374	59,57	0	2,32e-13 ***
9@528,9	1	3,920	7,727	7,068	37,02	0	4,01e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,35176	0,02019	661,257
1@401,2	0,14065	0,01994	7,054
1@726,1	0,10636	0,01982	5,367
4@332,4	-0,12268	0,02009	-6,108
5@328,5	0,15161	0,02016	7,521
9@320,2	-0,15448	0,02001	-7,718
9@528,9	-0,12292	0,02020	-6,084

Oklasak 14TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	40,58941	3,38245107	67,37254	67,50675	0	0
Error	263	19,53704	0,07428532				
Total	275	60,12645					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@131,8	1		3,034	8,653	5,047	40,85	0	7,45e-10	***
1@401,3	1		3,588	10,106	5,968	48,30	0	2,87e-11	***
2@591,5	1		3,773	10,584	6,276	50,80	0	9,86e-12	***
3@193,1	1		3,486	9,839	5,797	46,92	0	5,21e-11	***
4@298,9	1		3,709	10,418	6,169	49,93	0	1,43e-11	***
5@219,2	1		3,555	10,019	5,912	47,86	0	3,48e-11	***
6@153,7	1		1,291	3,835	2,147	17,38	0	4,16e-05	***
7@405,5	1		1,665	4,900	2,768	22,41	0	3,61e-06	***
8@367,0	1		1,715	5,042	2,852	23,08	0	2,61e-06	***
9@24,3	1		3,937	11,002	6,548	53,00	0	3,87e-12	***
9@385,3	1		3,731	10,475	6,206	50,23	0	1,26e-11	***
10@260,5	1		5,121	13,951	8,516	68,93	0	5,33e-15	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	15,68468	0,01906	822,857
1@131,8	0,10760	0,01684	6,391
1@401,3	0,11845	0,01704	6,950
2@591,5	0,12146	0,01704	7,127
3@193,1	-0,11476	0,01675	-6,850
4@298,9	-0,12130	0,01717	-7,066
5@219,2	0,11757	0,01699	6,918
6@153,7	0,07244	0,01738	4,169
7@405,5	0,08228	0,01738	4,734
8@367,0	0,08714	0,01814	4,805
9@24,3	0,12494	0,01716	7,280
9@385,3	-0,12469	0,01759	-7,087
10@260,5	-0,14113	0,01700	-8,302

Oklasak 15TRa

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
 + Q12
 + Q13

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	13	15,233242	1,1717879	77,45241	72,53683	0	0

Error 262 5,767458 0,0220132
 Total 275 21,000700

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F	value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@735,2	1		0,7860		7,657	3,743		35,70	0	7,47e-09	***
1@769,4	1		0,4861		4,850	2,315		22,08	0	4,22e-06	***
2@411,4	1		1,3246		12,390	6,307		60,17	0	1,94e-13	***
2@507,4	1		0,4893		4,880	2,330		22,23	0	3,94e-06	***
3@42,6	1		0,5430		5,393	2,586		24,67	0	1,23e-06	***
3@215,6	1		0,5018		5,000	2,390		22,80	0	3,00e-06	***
4@536,3	1		0,5231		5,203	2,491		23,76	0	1,89e-06	***
5@324,3	1		1,6349		14,958	7,785		74,27	0	6,66e-16	***
7@183,4	1		0,8565		8,299	4,079		38,91	0	1,77e-09	***
8@136,8	1		0,7067		6,927	3,365		32,10	0	3,84e-08	***
8@202,0	1		0,9379		9,031	4,466		42,61	0	3,45e-10	***
9@220,1	1		0,5435		5,398	2,588		24,69	0	1,22e-06	***
10@306,9	1		0,6086		6,013	2,898		27,65	0	3,02e-07	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	13,015100	0,009592	1356,807
1@735,2	0,065365	0,010939	5,975
1@769,4	0,050032	0,010647	4,699
2@411,4	0,072732	0,009376	7,757
2@507,4	0,044035	0,009340	4,714
3@42,6	-0,046807	0,009424	-4,967
3@215,6	0,044465	0,009313	4,775
4@536,3	-0,045404	0,009314	-4,875
5@324,3	0,079384	0,009211	8,618
7@183,4	-0,057948	0,009290	-6,238
8@136,8	0,053374	0,009420	5,666
8@202,0	0,061143	0,009367	6,528
9@220,1	-0,045987	0,009255	-4,969
10@306,9	-0,048258	0,009178	-5,258

Oklasak 15TRb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	19,17084	1,74280325	76,26578	71,98766	0	0
Error	264	7,45989	0,02825716				
Total	275	26,63073					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@405,0	1		1,0138	7,637	3,807	35,88	0	6,84e-09	***
1@924,7	1		1,3496	9,966	5,068	47,76	0	3,60e-11	***
2@349,0	1		2,1241	15,016	7,976	75,17	0	4,44e-16	***
2@472,9	1		0,7088	5,440	2,661	25,08	0	1,01e-06	***
3@11,0	1		0,6575	5,063	2,469	23,27	0	2,38e-06	***
4@536,3	1		1,8517	13,288	6,953	65,53	0	2,11e-14	***
5@312,8	1		1,7114	12,378	6,427	60,57	0	1,61e-13	***
7@183,7	1		3,7131	24,210	13,943	131,40	0	< 2e-16	***
9@226,3	1		0,8904	6,758	3,344	31,51	0	5,01e-08	***
9@320,2	1		1,0283	7,739	3,861	36,39	0	5,44e-09	***
10@277,2	1		1,1364	8,498	4,267	40,22	0	9,80e-10	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	14,08713	0,01160	1213,945
1@405,0	0,06273	0,01047	5,990
1@924,7	-0,07522	0,01088	-6,911
2@349,0	0,09645	0,01112	8,670
2@472,9	0,05327	0,01064	5,008
3@11,0	-0,04976	0,01031	-4,824
4@536,3	-0,08572	0,01059	-8,095
5@312,8	0,08156	0,01048	7,782
7@183,7	-0,12252	0,01069	-11,463
9@226,3	-0,06139	0,01094	-5,613
9@320,2	-0,06572	0,01090	-6,032
10@277,2	-0,06615	0,01043	-6,342

Oklasak 15TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12 + Q13 + Q14$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	14	15,517004	1,10835741	94,98951	79,50395	0	0
Error	261	4,000271	0,01532671				
Total	275	19,517275					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@401,3	1		0,3665	5,253	1,878	23,91	0	1,77e-06	***
1@735,2	1		0,9739	13,059	4,990	63,54	0	4,91e-14	***
2@344,4	1		0,8457	11,494	4,333	55,18	0	1,57e-12	***
2@416,6	1		0,5464	7,673	2,799	35,65	0	7,69e-09	***
3@31,8	1		0,4314	6,139	2,211	28,15	0	2,40e-07	***
3@127,8	1		0,3915	5,596	2,006	25,54	0	8,15e-07	***
4@522,1	1		0,3836	5,488	1,965	25,03	0	1,04e-06	***
5@217,8	1		0,4871	6,886	2,496	31,78	0	4,48e-08	***
5@331,4	1		0,8894	12,032	4,557	58,03	0	4,76e-13	***
7@187,8	1		1,6017	20,183	8,207	104,50	0	< 2e-16	***
8@216,9	1		0,5493	7,711	2,814	35,84	0	7,06e-09	***
9@219,4	1		1,2599	16,410	6,455	82,20	0	< 2e-16	***
9@500,1	1		0,4109	5,860	2,105	26,81	0	4,49e-07	***
10@260,5	1		0,3989	5,697	2,044	26,03	0	6,48e-07	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	13,558044	0,009023	1502,670
1@401,3	0,037803	0,007731	4,890
1@735,2	0,062215	0,007805	7,971
2@344,4	0,065020	0,008753	7,428
2@416,6	0,048359	0,008100	5,971
3@31,8	-0,041191	0,007764	-5,306
3@127,8	-0,038458	0,007610	-5,054
4@522,1	-0,039981	0,007992	-5,003
5@217,8	0,045052	0,007992	5,637
5@331,4	0,060417	0,007931	7,618
7@187,8	-0,082449	0,008065	-10,223
8@216,9	0,047792	0,007983	5,986
9@219,4	-0,069713	0,007689	-9,067
9@500,1	-0,040275	0,007778	-5,178
10@260,5	-0,039394	0,007722	-5,102

Oklasak 1415TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	14,806000	1,64511109	59,59742	63,00571	0	0
Error	266	8,693456	0,03268217				
Total	275	23,499456					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@398,2	1		1,7643	11,074	7,508	53,98	0	2,48e-12 ***
1@722,3	1		1,7510	10,997	7,451	53,58	0	2,95e-12 ***
2@316,7	1		1,6196	10,239	6,892	49,56	0	1,64e-11 ***
2@411,4	1		0,8940	5,866	3,804	27,35	0	3,43e-07 ***
5@328,5	1		1,9490	12,123	8,294	59,63	0	2,33e-13 ***
7@249,1	1		1,7209	10,825	7,323	52,66	0	4,36e-12 ***
8@136,8	1		0,8846	5,808	3,764	27,07	0	3,93e-07 ***
9@386,8	1		0,6636	4,408	2,824	20,30	0	9,91e-06 ***
10@251,6	1		1,7548	11,019	7,467	53,69	0	2,81e-12 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	14,28773	0,01211	1180,207
1@398,2	0,08262	0,01125	7,347
1@722,3	0,08139	0,01112	7,320
2@316,7	0,08316	0,01181	7,040
2@411,4	0,05965	0,01140	5,230
5@328,5	0,08607	0,01115	7,722
7@249,1	-0,08100	0,01116	-7,256
8@136,8	0,05815	0,01118	5,203
9@386,8	-0,05126	0,01138	-4,506
10@251,6	-0,08106	0,01106	-7,327

Oklasak 16TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	29,77920	3,30879988	69,594	68,68909	0	0
Error	266	13,57441	0,05103161				
Total	275	43,35361					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
2@82,3	1		1,588	6,631	3,663	31,12		0	5,96e-08	***
2@354,6	1		2,092	8,592	4,826	41,00		0	6,86e-10	***
3@361,1	1		3,592	14,071	8,286	70,39		0	2,89e-15	***
4@536,9	1		2,178	8,918	5,023	42,68		0	3,27e-10	***
5@279,1	1		1,041	4,427	2,400	20,39		0	9,49e-06	***
5@310,0	1		2,059	8,463	4,749	40,34		0	9,18e-10	***
8@206,7	1		1,538	6,434	3,548	30,14		0	9,37e-08	***
9@257,6	1		5,912	21,667	13,636	115,85		0	< 2e-16	***
9@354,4	1		2,009	8,273	4,635	39,37		0	1,41e-09	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	14,64287	0,01575	929,714
2@82,3	0,07933	0,01422	5,579
2@354,6	-0,09678	0,01511	-6,403
3@361,1	-0,11780	0,01404	-8,390
4@536,9	-0,09412	0,01441	-6,533
5@279,1	0,07905	0,01751	4,516
5@310,0	0,11154	0,01756	6,352
8@206,7	0,07770	0,01415	5,490
9@257,6	-0,15654	0,01454	-10,763
9@354,4	-0,09509	0,01515	-6,275

Oklasak TRSVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	13,645013	1,24045573	67,93595	67,81078	0	0
Error	264	6,477177	0,02453476				
Total	275	20,122190					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@401,3	1		1,4213	11,890	7,063	57,93	0	4,82e-13	***
1@720,9	1		0,7610	6,657	3,782	31,02	0	6,30e-08	***
2@314,4	1		0,5929	5,250	2,947	24,17	0	1,55e-06	***
4@544,1	1		0,4502	4,027	2,237	18,35	0	2,58e-05	***
5@216,3	1		0,7453	6,527	3,704	30,38	0	8,46e-08	***
5@338,0	1		1,6611	13,683	8,255	67,71	0	8,77e-15	***
7@244,3	1		0,6315	5,576	3,138	25,74	0	7,38e-07	***
8@216,9	1		0,5723	5,074	2,844	23,33	0	2,32e-06	***
9@230,6	1		2,1830	17,408	10,849	88,98	0	< 2e-16	***
9@504,6	1		1,1635	9,901	5,782	47,42	0	4,17e-11	***
10@260,5	1		0,7161	6,284	3,559	29,19	0	1,47e-07	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	14,361233	0,010777	1332,560
1@401,3	0,074112	0,009737	7,611
1@720,9	0,054848	0,009849	5,569
2@314,4	0,050700	0,010313	4,916
4@544,1	-0,042580	0,009940	-4,284
5@216,3	0,055710	0,010108	5,512
5@338,0	0,080764	0,009815	8,228
7@244,3	-0,049494	0,009756	-5,073
8@216,9	0,048805	0,010105	4,830
9@230,6	-0,090527	0,009597	-9,433
9@504,6	-0,067161	0,009753	-6,886
10@260,5	-0,052289	0,009679	-5,402

Oklasak SVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	10	23,63023	2,36302294	59,09295	62,69301	0	0
Error	265	14,06174	0,05306317				
Total	275	37,69197					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F	value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@401,2	1		3,991	14,973	10,588	75,21			0	4,44e-16	***
1@718,5	1		2,550	9,988	6,765	48,05			0	3,15e-11	***
2@313,5	1		1,244	5,079	3,299	23,44			0	2,20e-06	***
4@332,4	1		2,263	8,944	6,004	42,65			0	3,33e-10	***
4@619,4	1		1,162	4,759	3,083	21,90			0	4,59e-06	***
5@328,5	1		3,368	12,868	8,935	63,47			0	4,84e-14	***
6@513,8	1		1,297	5,287	3,441	24,44			0	1,36e-06	***
8@228,6	1		1,066	4,381	2,829	20,10			0	1,10e-05	***
9@320,2	1		3,854	14,515	10,224	72,62			0	1,22e-15	***
9@500,1	1		1,911	7,636	5,069	36,01			0	6,43e-09	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	13,74166	0,01669	823,491
1@401,2	0,12416	0,01432	8,672
1@718,5	0,09889	0,01426	6,932
2@313,5	0,07297	0,01507	4,841
4@332,4	-0,09316	0,01426	-6,531
4@619,4	-0,07125	0,01523	-4,680
5@328,5	0,11560	0,01451	7,967
6@513,8	-0,07548	0,01527	-4,944
8@228,6	0,06643	0,01482	4,483
9@320,2	-0,12383	0,01453	-8,522
9@500,1	-0,08843	0,01474	-6,001

Prilog 2.2. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za udio vode u zrnu

Vlaga 14Na

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	10	29,17698	2,91769789	71,15955	69,4964	0	0
Error	265	12,80646	0,04832627				
Total	275	41,98344					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@481,9	1		2,4384	10,446	5,808	50,46	0	1,12e-11	***
1@882,7	1		2,1019	9,108	5,006	43,49	0	2,30e-10	***
2@47,4	1		0,9638	4,349	2,296	19,94	0	1,18e-05	***
4@602,1	1		1,2989	5,790	3,094	26,88	0	4,31e-07	***
4@698,9	1		1,2158	5,436	2,896	25,16	0	9,68e-07	***
5@212,7	1		3,2601	13,592	7,765	67,46	0	9,55e-15	***
5@279,1	1		3,8697	15,824	9,217	80,07	0	< 2e-16	***
7@262,5	1		1,2043	5,387	2,869	24,92	0	1,08e-06	***
8@514,2	1		1,2040	5,385	2,868	24,91	0	1,09e-06	***
9@238,9	1		5,1083	20,118	12,167	105,70	0	< 2e-16	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	19,91554	0,01561	1275,765
1@481,9	-0,10922	0,01538	-7,103
1@882,7	0,09176	0,01391	6,595
2@47,4	0,06056	0,01356	4,466
4@602,1	-0,07387	0,01425	-5,184
4@698,9	-0,06864	0,01368	-5,016
5@212,7	-0,12474	0,01519	-8,213
5@279,1	-0,13544	0,01514	-8,948
7@262,5	0,06904	0,01383	4,992
8@514,2	0,06794	0,01361	4,991
9@238,9	-0,13949	0,01357	-10,281

Vlaga 14Nb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
 + Q12
 + Q13 + Q14

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	14	9,308954	0,66492529	81,45994	74,31316	0	0
Error	261	3,217701	0,01232836				
Total	275	12,526655					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@160,6	1		0,4234	7,409	3,380	34,35	0	1,39e-08	***
2@28,1	1		0,4675	8,130	3,732	37,92	0	2,77e-09	***
2@339,3	1		0,6407	10,883	5,114	51,97	0	6,08e-12	***
3@228,2	1		0,9411	15,377	7,513	76,34	0	2,22e-16	***
3@491,4	1		0,3037	5,405	2,424	24,63	0	1,25e-06	***
4@205,0	1		0,4101	7,190	3,274	33,26	0	2,27e-08	***
4@595,7	1		0,5532	9,509	4,417	44,88	0	1,28e-10	***
5@267,7	1		1,3443	20,922	10,731	109,04	0	< 2e-16	***
5@660,1	1		0,6548	11,102	5,227	53,11	0	3,74e-12	***
6@420,4	1		0,4993	8,645	3,986	40,50	0	8,78e-10	***
7@262,5	1		0,3501	6,190	2,795	28,40	0	2,14e-07	***
8@526,6	1		0,2749	4,913	2,195	22,30	0	3,81e-06	***
9@247,6	1		0,9753	15,868	7,786	79,11	0	< 2e-16	***
10@134,8	1		0,3480	6,154	2,778	28,23	0	2,31e-07	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	19,214185	0,008264	2324,928
1@160,6	0,040514	0,006913	5,860
2@28,1	0,042613	0,006920	6,158
2@339,3	0,051665	0,007167	7,209
3@228,2	-0,062070	0,007104	-8,737
3@491,4	0,035031	0,007058	4,963
4@205,0	0,040267	0,006982	5,768
4@595,7	-0,049197	0,007344	-6,699
5@267,7	-0,073793	0,007067	-10,442
5@660,1	-0,053496	0,007340	-7,288
6@420,4	0,043943	0,006905	6,364
7@262,5	0,037631	0,007062	5,329
8@526,6	0,033463	0,007087	4,722
9@247,6	-0,062596	0,007038	-8,895
10@134,8	-0,038629	0,007271	-5,313

Vlaga 14Navg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
----	----	----	-----	------	--------------	-----------


```

Model 12 16,142168 1,34518064 74,63537 71,21515 0 0
Error 263 6,524593 0,02480834
Total 275 22,666761

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
df Type III SS LOD %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@425,2 1 0,5537 4,881 2,443 22,32 0 3,77e-06 ***
1@1010,2 1 0,9190 7,897 4,054 37,04 0 4,07e-09 ***
2@47,4 1 1,0086 8,615 4,450 40,66 0 8,11e-10 ***
3@212,7 1 1,0463 8,914 4,616 42,18 0 4,14e-10 ***
3@517,0 1 0,6212 5,451 2,741 25,04 0 1,03e-06 ***
4@158,8 1 0,7020 6,125 3,097 28,30 0 2,23e-07 ***
4@595,7 1 1,0439 8,895 4,605 42,08 0 4,33e-10 ***
5@267,7 1 1,7362 14,141 7,660 69,98 0 3,55e-15 ***
5@328,5 1 0,8333 7,204 3,676 33,59 0 1,94e-08 ***
7@252,4 1 0,7698 6,684 3,396 31,03 0 6,27e-08 ***
8@608,1 1 0,4791 4,247 2,114 19,31 0 1,61e-05 ***
9@227,4 1 3,0930 23,255 13,645 124,68 0 < 2e-16 ***
---
```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
est SE t
Intercept 19,585530 0,010812 1811,507
1@425,2 -0,047523 0,010060 -4,724
1@1010,2 0,059723 0,009813 6,086
2@47,4 0,062414 0,009789 6,376
3@212,7 -0,064518 0,009934 -6,494
3@517,0 0,049004 0,009793 5,004
4@158,8 0,051749 0,009728 5,320
4@595,7 -0,066865 0,010308 -6,487
5@267,7 -0,091867 0,010981 -8,366
5@328,5 -0,063353 0,010931 -5,796
7@252,4 0,056978 0,010229 5,571
8@608,1 0,043151 0,009819 4,395
9@227,4 -0,109544 0,009811 -11,166

```

Vlaga 14Ha

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

```

df SS MS LOD %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)

```

```

Model 11 21,00125 1,9092045 66,88228 67,23986 0 0
Error 264 10,23208 0,0387579
Total 275 31,23333

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
df Type III SS LOD %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@183,8 1 1,1702 6,490 3,747 30,19 0 9,21e-08 ***
3@226,9 1 1,2524 6,920 4,010 32,31 0 3,47e-08 ***
4@223,6 1 1,3057 7,198 4,180 33,69 0 1,85e-08 ***
4@535,4 1 1,3659 7,510 4,373 35,24 0 9,14e-09 ***
5@267,7 1 5,2668 24,887 16,863 135,89 0 < 2e-16 ***
5@660,1 1 1,0848 6,039 3,473 27,99 0 2,56e-07 ***
6@212,5 1 1,2901 7,117 4,130 33,29 0 2,22e-08 ***
7@615,0 1 0,9246 5,185 2,960 23,86 0 1,80e-06 ***
8@540,3 1 1,3317 7,333 4,264 34,36 0 1,36e-08 ***
9@278,9 1 2,0755 11,069 6,645 53,55 0 3,03e-12 ***
10@104,0 1 0,6865 3,892 2,198 17,71 0 3,52e-05 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
est SE t
Intercept 20,24000 0,01279 1581,949
1@183,8 0,06954 0,01266 5,495
3@226,9 -0,07188 0,01265 -5,684
4@223,6 0,07042 0,01213 5,804
4@535,4 -0,07250 0,01221 -5,936
5@267,7 -0,14488 0,01243 -11,657
5@660,1 -0,06698 0,01266 -5,290
6@212,5 -0,07062 0,01224 -5,769
7@615,0 -0,06028 0,01234 -4,884
8@540,3 0,07197 0,01228 5,862
9@278,9 -0,08974 0,01226 -7,318
10@104,0 -0,05169 0,01228 -4,209

```

Vlaga 14Hb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
+ Q12
+ Q13

```

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	13	25,420938	1,9554568	78,24748	72,89875	0	0
Error	262	9,450629	0,0360711				
Total	275	34,871568					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@1010,2	1		1,6933	9,878	4,856	46,94	0	5,20e-11	***
2@3,1	1		0,8814	5,344	2,528	24,43	0	1,37e-06	***
3@203,4	1		0,5833	3,589	1,673	16,17	0	7,58e-05	***
3@575,6	1		1,1669	6,977	3,346	32,35	0	3,43e-08	***
4@536,9	1		1,4952	8,803	4,288	41,45	0	5,74e-10	***
4@695,5	1		0,7796	4,750	2,236	21,61	0	5,29e-06	***
5@266,3	1		3,5078	18,919	10,059	97,25	0	< 2e-16	***
5@328,5	1		1,4140	8,357	4,055	39,20	0	1,56e-09	***
6@120,5	1		1,3343	7,915	3,826	36,99	0	4,18e-09	***
6@152,6	1		0,9475	5,727	2,717	26,27	0	5,77e-07	***
7@252,4	1		1,0794	6,482	3,095	29,92	0	1,05e-07	***
8@506,8	1		1,3220	7,847	3,791	36,65	0	4,88e-09	***
9@227,4	1		3,7660	20,101	10,800	104,41	0	< 2e-16	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	20,11338	0,01251	1607,721
1@1010,2	0,08234	0,01202	6,851
2@3,1	0,05892	0,01192	4,943
3@203,4	-0,04973	0,01237	-4,021
3@575,6	0,07143	0,01256	5,688
4@536,9	-0,07612	0,01182	-6,438
4@695,5	-0,05532	0,01190	-4,649
5@266,3	-0,12738	0,01292	-9,861
5@328,5	-0,08156	0,01303	-6,261
6@120,5	0,08524	0,01401	6,082
6@152,6	-0,07242	0,01413	-5,125
7@252,4	0,06670	0,01219	5,470
8@506,8	0,07305	0,01207	6,054
9@227,4	-0,12277	0,01201	-10,218

Vlaga 14Havg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	22,911301	1,9092751	75,17585	71,47357	0	0
Error	263	9,144327	0,0347693				
Total	275	32,055628					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@1010,2	1		1,8165	10,859	5,667	52,24	0	5,32e-12 ***
2@3,1	1		1,0732	6,651	3,348	30,87	0	6,76e-08 ***
3@226,9	1		0,8167	5,127	2,548	23,49	0	2,15e-06 ***
3@520,7	1		1,2764	7,831	3,982	36,71	0	4,73e-09 ***
4@536,9	1		1,6234	9,794	5,064	46,69	0	5,76e-11 ***
5@266,3	1		3,3825	18,863	10,552	97,29	0	< 2e-16 ***
5@328,5	1		1,2762	7,830	3,981	36,71	0	4,73e-09 ***
6@96,0	1		0,7020	4,433	2,190	20,19	0	1,05e-05 ***
6@228,9	1		0,8348	5,236	2,604	24,01	0	1,68e-06 ***
7@252,4	1		0,8787	5,499	2,741	25,27	0	9,21e-07 ***
8@506,8	1		1,1504	7,102	3,589	33,09	0	2,44e-08 ***
9@227,4	1		2,9636	16,825	9,245	85,24	0	< 2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	20,19165	0,01221	1654,056
1@1010,2	0,08367	0,01158	7,228
2@3,1	0,06420	0,01155	5,556
3@226,9	-0,05695	0,01175	-4,847
3@520,7	0,07271	0,01200	6,059
4@536,9	-0,07930	0,01161	-6,833
5@266,3	-0,12471	0,01264	-9,863
5@328,5	-0,07724	0,01275	-6,059
6@96,0	0,05262	0,01171	4,493
6@228,9	-0,05704	0,01164	-4,900
7@252,4	0,05994	0,01192	5,027
8@506,8	0,06922	0,01203	5,752
9@227,4	-0,10760	0,01165	-9,232

Vlaga 150S

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	2,6058894	0,217157451	78,92835	73,2049	0	0
Error	263	0,9538306	0,003626732				
Total	275	3,5597200					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@320,9	1		0,2353	13,215	6,610	64,88	0	2,78e-14 ***
2@342,4	1		0,1328	7,812	3,731	36,62	0	4,93e-09 ***
2@409,3	1		0,0964	5,770	2,708	26,58	0	4,98e-07 ***
3@259,4	1		0,4363	22,574	12,256	120,29	0	< 2e-16 ***
3@313,4	1		0,1350	7,932	3,792	37,22	0	3,76e-09 ***
4@205,0	1		0,1182	6,999	3,319	32,58	0	3,08e-08 ***
5@404,9	1		0,2060	11,722	5,788	56,81	0	7,76e-13 ***
5@660,1	1		0,1873	10,744	5,261	51,64	0	6,89e-12 ***
6@277,1	1		0,1837	10,556	5,161	50,65	0	1,05e-11 ***
7@285,4	1		0,1858	10,668	5,220	51,24	0	8,16e-12 ***
9@251,8	1		0,1630	9,455	4,579	44,94	0	1,23e-10 ***
10@244,6	1		0,3905	20,565	10,969	107,66	0	< 2e-16 ***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	18,167154	0,004551	3992,316
1@320,9	0,031155	0,003868	8,055
2@342,4	0,025115	0,004150	6,051
2@409,3	0,020425	0,003962	5,156
3@259,4	-0,049756	0,004537	-10,968
3@313,4	0,028560	0,004682	6,101
4@205,0	0,021623	0,003788	5,708
5@404,9	0,028580	0,003792	7,537
5@660,1	-0,028592	0,003979	-7,186
6@277,1	0,027676	0,003889	7,117
7@285,4	0,027336	0,003819	7,158
9@251,8	-0,025393	0,003788	-6,704
10@244,6	-0,039634	0,003820	-10,376

Vlaga 1415OS

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	10	12,625833	1,26258329	68,49844	68,11147	0	0
Error	265	5,911181	0,02230635				
Total	275	18,537014					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@1010,2	1		0,8502	8,054	4,586	38,11	0	2,49e-09 ***
2@3,1	1		0,8233	7,815	4,441	36,91	0	4,28e-09 ***
3@228,2	1		0,9740	9,141	5,254	43,66	0	2,13e-10 ***
3@511,5	1		0,6456	6,212	3,483	28,94	0	1,64e-07 ***
4@598,6	1		0,9409	8,853	5,076	42,18	0	4,09e-10 ***
5@267,7	1		1,5293	13,789	8,250	68,56	0	6,11e-15 ***
5@328,5	1		0,6516	6,267	3,515	29,21	0	1,45e-07 ***
7@258,4	1		0,8766	8,288	4,729	39,30	0	1,47e-09 ***
8@540,3	1		0,5532	5,361	2,984	24,80	0	1,15e-06 ***
9@227,4	1		1,7760	15,745	9,581	79,62	0	< 2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	19,544487	0,010404	1878,550
1@1010,2	0,057435	0,009303	6,174
2@3,1	0,055223	0,009090	6,075
3@228,2	-0,062517	0,009461	-6,608
3@511,5	0,049775	0,009252	5,380
4@598,6	-0,062670	0,009649	-6,495
5@267,7	-0,084459	0,010200	-8,280
5@328,5	-0,054864	0,010151	-5,405
7@258,4	0,060622	0,009670	6,269
8@540,3	0,046601	0,009358	4,980
9@227,4	-0,083147	0,009318	-8,923

Vlaga 160Sa

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

      df      SS      MS      LOD      %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
Model  10 2,387587 0,238758659 72,96329 70,40076          0          0
Error 265 1,003835 0,003788056
Total 275 3,391421

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@288,6 1      0,13775 7,707 4,062 36,37          0 5,47e-09 ***
1@915,2 1      0,16674 9,209 4,916 44,02          0 1,83e-10 ***
2@50,9 1      0,10673 6,056 3,147 28,18          0 2,34e-07 ***
2@322,1 1      0,15952 8,839 4,704 42,11          0 4,22e-10 ***
3@401,8 1      0,06829 3,945 2,014 18,03          0 3,01e-05 ***
4@297,4 1      0,38605 19,502 11,383 101,91          0 < 2e-16 ***
4@539,0 1      0,24134 12,913 7,116 63,71          0 4,39e-14 ***
5@250,3 1      0,48506 23,626 14,302 128,05          0 < 2e-16 ***
5@528,7 1      0,14662 8,171 4,323 38,71          0 1,91e-09 ***
9@227,4 1      0,34008 17,486 10,028 89,78          0 < 2e-16 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
      est      SE      t
Intercept 22,358125 0,004123 5423,075
1@288,6 0,022863 0,003791 6,030
1@915,2 0,025536 0,003849 6,634
2@50,9 0,020186 0,003803 5,308
2@322,1 0,026403 0,004069 6,489
3@401,8 -0,016052 0,003780 -4,246
4@297,4 0,038607 0,003824 10,095
4@539,0 -0,030733 0,003850 -7,982
5@250,3 -0,043131 0,003812 -11,316
5@528,7 0,024745 0,003977 6,221
9@227,4 -0,035790 0,003777 -9,475

```

Vlaga 160Sb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

      df      SS      MS      LOD      %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)

```

```

Model 10 4,484107 0,448410686 81,66729 74,40188 0 0
Error 265 1,542766 0,005821758
Total 275 6,026873

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@160,6 1      0,1829  6,716  3,036  31,43      0 5,20e-08 ***
1@259,1 1      0,3057 10,834  5,072  52,51      0 4,68e-12 ***
2@316,7 1      0,1414  5,256  2,346  24,29      0 1,46e-06 ***
4@288,4 1      0,4059 13,999  6,735  69,73      0 3,77e-15 ***
4@536,9 1      0,1965  7,186  3,261  33,76      0 1,79e-08 ***
5@222,5 1      0,3535 12,365  5,865  60,72      0 1,50e-13 ***
6@104,8 1      0,4276 14,663  7,095  73,45      0 8,88e-16 ***
6@420,4 1      0,2372  8,572  3,936  40,75      0 7,71e-10 ***
9@226,3 1      1,3730 38,150 22,781 235,83      0 < 2e-16 ***
10@291,6 1      0,5607 18,581  9,304  96,32      0 < 2e-16 ***
---

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
      est      SE      t
Intercept 22,298167 0,005047 4417,915
1@160,6    0,026411 0,004711   5,606
1@259,1    0,034767 0,004798   7,246
2@316,7    0,024721 0,005016   4,928
4@288,4    0,039728 0,004758   8,350
4@536,9   -0,027717 0,004770  -5,810
5@222,5   -0,036525 0,004687  -7,792
6@104,8    0,040648 0,004743   8,571
6@420,4    0,030577 0,004790   6,383
9@226,3   -0,072573 0,004726 -15,357
10@291,6   0,046339 0,004722   9,814

```

Vlaga 160Savg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

```

      df      SS      MS      LOD      %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
Model  9 2,877671 0,319741184 74,89083 71,33758      0      0
Error 266 1,156207 0,004346643
Total 275 4,033878

```


Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@183,8 1      0,2440 11,476  6,049  56,14      0 1,00e-12 ***
1@927,9 1      0,1548  7,530  3,837  35,61      0 7,67e-09 ***
2@316,7 1      0,1626  7,885  4,030  37,40      0 3,41e-09 ***
4@250,8 1      0,3128 14,352  7,755  71,97      0 1,55e-15 ***
4@603,3 1      0,1134  5,606  2,810  26,08      0 6,25e-07 ***
5@222,5 1      0,3547 16,037  8,794  81,61      0 < 2e-16 ***
5@467,2 1      0,1897  9,103  4,702  43,63      0 2,15e-10 ***
6@98,0  1      0,1579  7,674  3,915  36,33      0 5,53e-09 ***
9@230,0 1      0,6997 28,362 17,346 160,98     0 < 2e-16 ***
---
```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
              est              SE              t
Intercept 22,315695  0,004612 4838,696
1@183,8    0,031722  0,004234   7,493
1@927,9    0,024606  0,004123   5,967
2@316,7    0,025824  0,004222   6,116
4@250,8    0,034524  0,004069   8,484
4@603,3   -0,021972  0,004302  -5,107
5@222,5   -0,036827  0,004077  -9,034
5@467,2    0,027899  0,004224   6,605
6@98,0     0,024787  0,004112   6,028
9@230,0   -0,052078  0,004105 -12,688
```

Vlaga OsSVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

```
-----
      df      SS      MS      LOD      %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
Model  10  8,279728 0,82797285 71,16911 69,50127      0      0
Error 265  3,633333 0,01371069
Total 275 11,913061
```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@199,7 1      0,4949  7,653  4,154  36,10      0 6,18e-09 ***
1@1010,2 1      0,3568  5,614  2,995  26,02      0 6,43e-07 ***
```

2@3,1	1	0,3425	5,398	2,875	24,98	0	1,06e-06	***
3@228,2	1	0,5861	8,963	4,920	42,75	0	3,18e-10	***
4@158,8	1	0,3926	6,150	3,296	28,64	0	1,89e-07	***
4@598,6	1	0,6135	9,351	5,150	44,74	0	1,33e-10	***
5@266,3	1	1,9054	25,269	15,994	138,97	0	< 2e-16	***
6@86,3	1	0,3066	4,855	2,574	22,36	0	3,68e-06	***
8@504,3	1	0,4388	6,833	3,683	32,00	0	3,98e-08	***
9@227,4	1	1,8149	24,281	15,235	132,37	0	< 2e-16	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	20,328258	0,007668	2650,944
1@199,7	0,044810	0,007458	6,008
1@1010,2	0,037793	0,007408	5,101
2@3,1	0,036135	0,007230	4,998
3@228,2	-0,048211	0,007374	-6,538
4@158,8	0,038490	0,007193	5,351
4@598,6	-0,050785	0,007592	-6,689
5@266,3	-0,084605	0,007177	-11,789
6@86,3	0,035071	0,007417	4,729
8@504,3	0,041425	0,007323	5,657
9@227,4	-0,083739	0,007278	-11,505

Vlaga 14TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12 + Q13

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	13	33,97291	2,61330086	79,7601	73,57419	0	0
Error	262	12,20213	0,04657301				
Total	275	46,17504					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@160,6	1		2,4399	10,925	5,284	52,39	0	5,05e-12 ***
1@473,8	1		1,8860	8,613	4,084	40,49	0	8,76e-10 ***
3@145,3	1		1,9009	8,677	4,117	40,82	0	7,60e-10 ***

3@732,5	1	2,0686	9,386	4,480	44,42	0	1,56e-10	***
4@174,6	1	0,9331	4,416	2,021	20,04	0	1,13e-05	***
4@466,1	1	1,7388	7,984	3,766	37,34	0	3,58e-09	***
5@219,2	1	7,6952	29,306	16,665	165,23	0	< 2e-16	***
6@99,0	1	2,1775	9,841	4,716	46,75	0	5,64e-11	***
6@167,6	1	1,5583	7,203	3,375	33,46	0	2,07e-08	***
7@246,3	1	0,8593	4,079	1,861	18,45	0	2,46e-05	***
8@216,2	1	2,6902	11,941	5,826	57,76	0	5,27e-13	***
8@546,9	1	2,3296	10,472	5,045	50,02	0	1,38e-11	***
9@28,8	1	1,0441	4,920	2,261	22,42	0	3,60e-06	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	21,94211	0,01470	1493,004
1@160,6	0,09884	0,01366	7,238
1@473,8	-0,09064	0,01424	-6,364
3@145,3	0,08722	0,01365	6,389
3@732,5	-0,09018	0,01353	-6,665
4@174,6	0,06181	0,01381	4,476
4@466,1	-0,08471	0,01386	-6,110
5@219,2	-0,17345	0,01349	-12,854
6@99,0	-0,10163	0,01486	-6,838
6@167,6	-0,08502	0,01470	-5,784
7@246,3	0,05831	0,01357	4,295
8@216,2	-0,10666	0,01403	-7,600
8@546,9	0,09446	0,01336	7,072
9@28,8	-0,06567	0,01387	-4,735

Vlaga 15TRa

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
+ Q12
+ Q13 + Q14

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)
Pvalue(F)						
Model	14	9,736475e-06	6,954625e-07	86,78984	76,49891	0
Error	261	2,991125e-06	1,146025e-08			
Total	275	1,272760e-05				

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@151,6	1	2,963e-07	5,662	2,328	25,86	0	7,02e-07	***
1@812,3	1	4,028e-07	7,572	3,165	35,15	0	9,64e-09	***
2@267,5	1	4,696e-07	8,741	3,690	40,98	0	7,10e-10	***
3@260,3	1	3,346e-07	6,356	2,629	29,20	0	1,47e-07	***
4@297,4	1	2,964e-07	5,664	2,329	25,87	0	6,99e-07	***
4@602,2	1	6,258e-07	11,385	4,917	54,60	0	2,00e-12	***
5@235,6	1	8,489e-07	14,974	6,670	74,08	0	6,66e-16	***
5@294,6	1	3,849e-07	7,255	3,024	33,59	0	1,96e-08	***
6@158,7	1	3,478e-07	6,592	2,733	30,35	0	8,65e-08	***
6@244,9	1	8,422e-07	14,868	6,617	73,49	0	8,88e-16	***
7@340,6	1	4,958e-07	9,192	3,896	43,26	0	2,60e-10	***
7@382,6	1	6,295e-07	11,447	4,946	54,93	0	1,74e-12	***
8@323,8	1	6,630e-07	11,999	5,209	57,85	0	5,13e-13	***
8@562,5	1	3,802e-07	7,172	2,987	33,18	0	2,36e-08	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	1,305e+01	7,581e-06	1,722e+06
1@151,6	3,464e-05	6,812e-06	5,085e+00
1@812,3	3,956e-05	6,673e-06	5,929e+00
2@267,5	4,379e-05	6,841e-06	6,402e+00
3@260,3	-3,641e-05	6,737e-06	-5,404e+00
4@297,4	3,467e-05	6,816e-06	5,086e+00
4@602,2	-5,048e-05	6,832e-06	-7,389e+00
5@235,6	-6,246e-05	7,257e-06	-8,607e+00
5@294,6	-4,372e-05	7,545e-06	-5,795e+00
6@158,7	-3,755e-05	6,817e-06	-5,509e+00
6@244,9	5,812e-05	6,779e-06	8,573e+00
7@340,6	-5,928e-05	9,012e-06	-6,578e+00
7@382,6	-6,037e-05	8,145e-06	-7,411e+00
8@323,8	5,322e-05	6,997e-06	7,606e+00
8@562,5	3,959e-05	6,873e-06	5,760e+00

Vlaga 15TRb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)
Pvalue(F)						
Model	12	6,626484e-06	5,522070e-07	91,84232	78,3989	0
Error	263	1,825783e-06	6,942141e-09			
Total	275	8,452267e-06				

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@167,5	1	1,749e-07	5,484	2,070	25,20	0	9,53e-07	***
2@354,6	1	6,211e-07	17,549	7,349	89,47	0	< 2e-16	***
2@452,2	1	2,720e-07	8,323	3,218	39,18	0	1,56e-09	***
3@190,2	1	2,267e-07	7,016	2,683	32,66	0	2,97e-08	***
3@313,4	1	4,552e-07	13,340	5,385	65,57	0	2,11e-14	***
4@292,9	1	9,818e-07	25,790	11,616	141,43	0	< 2e-16	***
6@401,7	1	3,360e-07	10,124	3,975	48,40	0	2,75e-11	***
6@513,8	1	2,336e-07	7,217	2,764	33,66	0	1,88e-08	***
7@158,0	1	1,386e-07	4,384	1,639	19,96	0	1,18e-05	***
8@385,5	1	3,298e-07	9,953	3,902	47,51	0	4,04e-11	***
9@226,3	1	2,115e-07	6,570	2,503	30,47	0	8,12e-08	***
9@257,6	1	3,919e-07	11,653	4,636	56,45	0	9,04e-13	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	1,251e+01	6,109e-06	2,048e+06
1@167,5	2,627e-05	5,234e-06	5,020e+00
2@354,6	5,221e-05	5,520e-06	9,459e+00
2@452,2	3,275e-05	5,233e-06	6,259e+00
3@190,2	3,139e-05	5,493e-06	5,715e+00
3@313,4	4,696e-05	5,799e-06	8,097e+00
4@292,9	6,267e-05	5,269e-06	1,189e+01
6@401,7	3,681e-05	5,291e-06	6,957e+00
6@513,8	-3,187e-05	5,493e-06	-5,801e+00
7@158,0	-2,350e-05	5,259e-06	-4,468e+00
8@385,5	-3,892e-05	5,647e-06	-6,893e+00
9@226,3	-3,663e-05	6,635e-06	-5,520e+00
9@257,6	-4,906e-05	6,529e-06	-7,513e+00

Vlaga 15TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

          df          SS          MS          LOD          %var Pvalue(Chi2)
Pvalue(F)
Model    10 3,482662e-06 3,482662e-07 74,6111 71,20349          0
0
Error 265 1,408477e-06 5,315008e-09
Total 275 4,891139e-06

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
          df Type III SS          LOD          %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@166,0 1 1,784e-07 7,146 3,647 33,56 0 1,95e-08 ***
1@377,2 1 1,747e-07 7,007 3,572 32,87 0 2,68e-08 ***
2@315,5 1 1,405e-07 5,698 2,872 26,43 0 5,32e-07 ***
3@299,2 1 2,089e-07 8,289 4,271 39,31 0 1,46e-09 ***
4@297,4 1 5,554e-07 19,923 11,356 104,50 0 < 2e-16 ***
4@603,3 1 2,659e-07 10,363 5,436 50,02 0 1,35e-11 ***
5@307,0 1 2,624e-07 10,239 5,365 49,37 0 1,79e-11 ***
6@302,0 1 4,800e-07 17,575 9,813 90,30 0 < 2e-16 ***
7@351,4 1 6,729e-07 23,405 13,758 126,61 0 < 2e-16 ***
9@227,4 1 3,356e-07 12,808 6,861 63,14 0 5,54e-14 ***

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
          est          SE          t
Intercept 1,278e+01 5,320e-06 2,403e+06
1@166,0 2,594e-05 4,477e-06 5,793e+00
1@377,2 2,649e-05 4,621e-06 5,733e+00
2@315,5 2,445e-05 4,756e-06 5,141e+00
3@299,2 2,931e-05 4,675e-06 6,269e+00
4@297,4 4,703e-05 4,600e-06 1,022e+01
4@603,3 -3,364e-05 4,756e-06 -7,073e+00
5@307,0 -3,232e-05 4,599e-06 -7,026e+00
6@302,0 4,458e-05 4,691e-06 9,503e+00
7@351,4 -5,147e-05 4,574e-06 -1,125e+01
9@227,4 -3,620e-05 4,556e-06 -7,946e+00

```

Vlaga 1415TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	3,594081	0,326734680	72,24409	70,04343	0	0
Error	264	1,537137	0,005822489				
Total	275	5,131219					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III	SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@160,6	1		0,3250	11,494	6,333	55,81	0	1,17e-12	***	
1@471,7	1		0,1734	6,406	3,379	29,78	0	1,11e-07	***	
3@145,3	1		0,2078	7,599	4,049	35,69	0	7,47e-09	***	
3@732,5	1		0,1908	7,014	3,719	32,78	0	2,81e-08	***	
4@466,1	1		0,1863	6,857	3,631	32,00	0	4,01e-08	***	
5@219,2	1		0,9011	27,650	17,561	154,76	0	< 2e-16	***	
6@99,0	1		0,2740	9,830	5,339	47,05	0	4,90e-11	***	
6@167,6	1		0,2322	8,432	4,525	39,88	0	1,14e-09	***	
7@252,9	1		0,1292	4,838	2,519	22,20	0	3,99e-06	***	
8@216,2	1		0,3320	11,719	6,469	57,01	0	7,07e-13	***	
8@546,9	1		0,2834	10,142	5,524	48,68	0	2,43e-11	***	

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	15,843525	0,005115	3097,652
1@160,6	0,035694	0,004778	7,471
1@471,7	-0,026800	0,004911	-5,457
3@145,3	0,028811	0,004823	5,974
3@732,5	-0,027363	0,004779	-5,725
4@466,1	-0,027535	0,004868	-5,657
5@219,2	-0,058696	0,004718	-12,440
6@99,0	-0,035923	0,005237	-6,859
6@167,6	-0,032915	0,005212	-6,315
7@252,9	0,023101	0,004903	4,711
8@216,2	-0,037226	0,004930	-7,551
8@546,9	0,032778	0,004698	6,977

Vlaga 16TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	10	3,765650	0,376564990	62,42149	64,70848	0	0
Error	265	2,053757	0,007750028				
Total	275	5,819407					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@377,2	1		0,1900	5,302	3,264	24,51	0	1,32e-06	***
1@669,8	1		0,1699	4,762	2,919	21,92	0	4,55e-06	***
2@30,9	1		0,1911	5,334	3,285	24,66	0	1,22e-06	***
2@446,9	1		0,1708	4,789	2,936	22,04	0	4,28e-06	***
4@249,7	1		0,2934	8,003	5,042	37,86	0	2,79e-09	***
4@294,4	1		0,3801	10,178	6,532	49,05	0	2,05e-11	***
5@310,2	1		0,2879	7,863	4,947	37,15	0	3,85e-09	***
6@545,8	1		0,3252	8,810	5,589	41,96	0	4,50e-10	***
9@216,2	1		0,6702	16,925	11,516	86,47	0	< 2e-16	***
10@184,7	1		0,4088	10,879	7,024	52,74	0	4,24e-12	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	11,805423	0,005601	2107,571
1@377,2	0,027119	0,005478	4,951
1@669,8	-0,026413	0,005642	-4,682
2@30,9	0,027204	0,005478	4,966
2@446,9	-0,026080	0,005555	-4,695
4@249,7	0,038587	0,006271	6,153
4@294,4	0,043203	0,006169	7,003
5@310,2	-0,032974	0,005410	-6,095
6@545,8	-0,035626	0,005500	-6,478
9@216,2	-0,051667	0,005556	-9,299
10@184,7	0,039898	0,005494	7,262

Vlaga TRSVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12 + Q13

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	13	2,5591363	0,196856641	78,51434	73,01916	0	0
Error	262	0,9456102	0,003609199				
Total	275	3,5047465					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@160,6	1	0,28352	15,716	8,089	78,55	0	< 2e-16 ***
3@139,3	1	0,13293	7,883	3,793	36,83	0	4,50e-09 ***
3@747,0	1	0,13311	7,893	3,798	36,88	0	4,39e-09 ***
4@147,1	1	0,18086	10,489	5,160	50,11	0	1,33e-11 ***
4@510,0	1	0,09151	5,536	2,611	25,36	0	8,88e-07 ***
5@219,2	1	0,48483	24,807	13,834	134,33	0	< 2e-16 ***
5@328,5	1	0,08305	5,045	2,370	23,01	0	2,71e-06 ***
6@86,9	1	0,13522	8,010	3,858	37,47	0	3,38e-09 ***
6@191,3	1	0,09889	5,961	2,822	27,40	0	3,40e-07 ***
8@284,6	1	0,19349	11,157	5,521	53,61	0	3,01e-12 ***
8@546,9	1	0,19652	11,317	5,607	54,45	0	2,11e-12 ***
9@200,4	1	0,13329	7,903	3,803	36,93	0	4,30e-09 ***
9@536,8	1	0,10585	6,359	3,020	29,33	0	1,38e-07 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	14,837093	0,003976	3732,109
1@160,6	0,033199	0,003746	8,863
3@139,3	0,022682	0,003737	6,069
3@747,0	-0,023676	0,003899	-6,073
4@147,1	0,026908	0,003801	7,079
4@510,0	-0,018939	0,003761	-5,035
5@219,2	-0,045204	0,003900	-11,590
5@328,5	-0,018809	0,003921	-4,797
6@86,9	-0,024609	0,004020	-6,121
6@191,3	-0,020730	0,003960	-5,234
8@284,6	-0,028796	0,003933	-7,322
8@546,9	0,027217	0,003688	7,379
9@200,4	-0,022813	0,003754	-6,077
9@536,8	0,020666	0,003816	5,416

Vlaga SVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
+ Q12
                    + Q13

```

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	13	5,221959	0,401689133	80,9333	74,08646	0	0
Error	262	1,826507	0,006971402				
Total	275	7,048466					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
df Type III SS      LOD   %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@165,8 1      0,3066  9,301  4,350  43,98          0  1,89e-10 ***
1@920,1 1      0,2256  6,980  3,201  32,36          0  3,42e-08 ***
2@3,1   1      0,1859  5,810  2,638  26,67          0  4,78e-07 ***
4@536,9 1      0,3089  9,365  4,383  44,31          0  1,63e-10 ***
4@692,1 1      0,1432  4,523  2,031  20,54          0  8,90e-06 ***
5@210,3 1      0,7109 19,701 10,085 101,97         0  < 2e-16 ***
5@310,2 1      0,4862 14,144  6,898  69,74          0  4,00e-15 ***
6@228,9 1      0,1179  3,749  1,673  16,91          0  5,24e-05 ***
7@249,1 1      0,2330  7,195  3,306  33,42          0  2,10e-08 ***
8@524,6 1      0,2475  7,616  3,511  35,50          0  8,18e-09 ***
9@196,4 1      0,1782  5,580  2,528  25,56          0  8,05e-07 ***
9@244,1 1      0,2971  9,034  4,216  42,62          0  3,42e-10 ***
10@522,6 1      0,1308  4,144  1,855  18,76          0  2,12e-05 ***
---

```

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```

-----
      est          SE      t
Intercept 18,325597  0,005474 3347,623
1@165,8   0,034338  0,005178   6,632
1@920,1   0,030455  0,005354   5,689
2@3,1     0,026846  0,005198   5,164
4@536,9  -0,034954  0,005251  -6,657
4@692,1  -0,023483  0,005182  -4,532
5@210,3  -0,053872  0,005335 -10,098
5@310,2  -0,045868  0,005493  -8,351
6@228,9  -0,022011  0,005352  -4,112
7@249,1   0,030235  0,005230   5,781
8@524,6   0,030873  0,005181   5,958
9@196,4  -0,030752  0,006082  -5,056
9@244,1  -0,041126  0,006299  -6,529
10@522,6 -0,022813  0,005268  -4,331

```

Prilog 2.3. Analiza varijance svih detektiranih lokusa za prinos zrna

THA 14Na

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype

Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	0,9993617	0,083280140	69,33184	68,55183	0	0
Error	263	0,4584574	0,001743184				
Total	275	1,4578191					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@286,2	1		0,06260	7,671	4,294	35,91	0	6,77e-09 ***
1@401,3	1		0,05439	6,719	3,731	31,20	0	5,80e-08 ***
2@247,2	1		0,07945	9,578	5,450	45,58	0	9,36e-11 ***
2@343,0	1		0,07962	9,597	5,461	45,67	0	8,97e-11 ***
3@230,1	1		0,07989	9,627	5,480	45,83	0	8,38e-11 ***
4@535,5	1		0,05815	7,157	3,989	33,36	0	2,16e-08 ***
5@245,1	1		0,06457	7,897	4,429	37,04	0	4,07e-09 ***
6@68,1	1		0,05662	6,979	3,884	32,48	0	3,22e-08 ***
6@513,8	1		0,04350	5,433	2,984	24,95	0	1,07e-06 ***
8@200,3	1		0,06337	7,759	4,347	36,35	0	5,55e-09 ***
9@392,5	1		0,03336	4,210	2,289	19,14	0	1,75e-05 ***
10@387,9	1		0,06395	7,827	4,387	36,69	0	4,77e-09 ***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,384559	0,003106	3987,394
1@286,2	0,016168	0,002698	5,993
1@401,3	0,015352	0,002748	5,586
2@247,2	-0,018460	0,002734	-6,751
2@343,0	-0,019049	0,002819	-6,758
3@230,1	-0,017729	0,002619	-6,770
4@535,5	-0,015298	0,002649	-5,776
5@245,1	-0,015607	0,002564	-6,086
6@68,1	-0,014829	0,002602	-5,699
6@513,8	0,013863	0,002775	4,995

```

8@200,3    -0,016123    0,002674    -6,029
9@392,5    -0,011978    0,002738    -4,375
10@387,9   0,015912     0,002627     6,057

```

THA 14Nb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	32,72827	3,6364742	47,01576	54,36416	0	0
Error	266	27,47365	0,1032844				
Total	275	60,20192					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@722,3	1	4,721	9,503	7,842	45,71	0	8,67e-11	***
2@376,1	1	4,350	8,810	7,226	42,12	0	4,18e-10	***
2@520,5	1	2,760	5,738	4,585	26,73	0	4,61e-07	***
3@752,1	1	2,652	5,522	4,405	25,67	0	7,57e-07	***
5@320,1	1	4,172	8,473	6,930	40,39	0	8,98e-10	***
6@212,5	1	6,486	12,703	10,774	62,80	0	6,31e-14	***
6@400,3	1	2,923	6,059	4,855	28,30	0	2,21e-07	***
8@432,4	1	2,453	5,125	4,074	23,75	0	1,89e-06	***
9@392,5	1	2,081	4,376	3,457	20,15	0	1,07e-05	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,13850	0,02119	572,778
1@722,3	0,13373	0,01978	6,761
2@376,1	-0,13228	0,02038	-6,490
2@520,5	0,10348	0,02002	5,170
3@752,1	-0,10068	0,01987	-5,067
5@320,1	0,12914	0,02032	6,356
6@212,5	0,15809	0,01995	7,925
6@400,3	0,10634	0,01999	5,320
8@432,4	0,09825	0,02016	4,873
9@392,5	-0,09252	0,02061	-4,489

THA 14Navg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
Model: normal phenotype
Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	9,550958	1,06121757	45,73007	53,37459	0	0
Error	266	8,343248	0,03136559				
Total	275	17,894206					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@720,9	1		1,0423	7,055	5,825	33,23	0	2,26e-08	***
2@377,4	1		1,5688	10,326	8,767	50,02	0	1,35e-11	***
2@520,5	1		0,7317	5,038	4,089	23,33	0	2,31e-06	***
3@752,1	1		0,7328	5,045	4,095	23,36	0	2,27e-06	***
4@463,3	1		0,7415	5,103	4,144	23,64	0	1,99e-06	***
5@321,0	1		0,6487	4,488	3,625	20,68	0	8,24e-06	***
6@211,5	1		1,7350	11,323	9,696	55,32	0	1,42e-12	***
6@400,3	1		1,0352	7,010	5,785	33,00	0	2,51e-08	***
9@392,5	1		0,6950	4,796	3,884	22,16	0	4,04e-06	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,26216	0,01159	1057,733
1@720,9	0,06348	0,01101	5,765
2@377,4	-0,07916	0,01119	-7,072
2@520,5	0,05335	0,01105	4,830
3@752,1	-0,05277	0,01092	-4,833
4@463,3	-0,05315	0,01093	-4,862
5@321,0	0,04937	0,01086	4,548
6@211,5	0,07978	0,01073	7,437
6@400,3	0,06266	0,01091	5,745
9@392,5	-0,05350	0,01136	-4,707

THA 14Ha

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	9	22,84555	2,53839487	50,80708	57,16165	0	0
Error	266	17,12102	0,06436475				
Total	275	39,96658					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@603,8	1		4,168	13,058	10,429	64,75	0	2,83e-14 ***
1@813,6	1		3,675	11,655	9,196	57,10	0	6,69e-13 ***
2@706,5	1		1,656	5,532	4,143	25,72	0	7,40e-07 ***
5@320,1	1		1,686	5,630	4,219	26,20	0	5,92e-07 ***
6@278,0	1		2,455	8,030	6,142	38,14	0	2,45e-09 ***
7@47,8	1		1,768	5,890	4,424	27,47	0	3,25e-07 ***
7@408,1	1		1,392	4,686	3,484	21,63	0	5,21e-06 ***
8@143,5	1		3,272	10,480	8,186	50,83	0	9,51e-12 ***
9@392,5	1		1,469	4,934	3,676	22,83	0	2,94e-06 ***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,17448	0,01798	677,089
1@603,8	0,12720	0,01581	8,047
1@813,6	0,12020	0,01591	7,556
2@706,5	-0,08011	0,01580	-5,072
5@320,1	0,08181	0,01598	5,118
6@278,0	0,09865	0,01597	6,176
7@47,8	-0,08445	0,01611	-5,241
7@408,1	0,07432	0,01598	4,651
8@143,5	0,11966	0,01678	7,129
9@392,5	-0,07779	0,01628	-4,778

THA 14Hb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	7	21,07195	3,01027829	49,20296	55,99958	0	0
Error	268	16,55681	0,06177916				
Total	275	37,62876					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@401,9	1	3,774	12,307	10,030	61,09	0	1,25e-13 ***
1@902,1	1	3,682	12,036	9,786	59,60	0	2,31e-13 ***
2@361,2	1	1,956	6,692	5,198	31,66	0	4,62e-08 ***
3@250,4	1	1,914	6,557	5,088	30,99	0	6,30e-08 ***
4@249,7	1	2,122	7,228	5,640	34,35	0	1,35e-08 ***
9@392,5	1	1,418	4,924	3,768	22,95	0	2,76e-06 ***
10@273,6	1	4,096	13,247	10,884	66,30	0	1,48e-14 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	12,00821	0,01671	718,830
1@401,9	0,11925	0,01526	7,816
1@902,1	0,11761	0,01523	7,720
2@361,2	-0,09115	0,01620	-5,627
3@250,4	-0,08447	0,01517	-5,567
4@249,7	0,09132	0,01558	5,861
9@392,5	-0,07666	0,01600	-4,791
10@273,6	0,12335	0,01515	8,142

THA 14Havq

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	18,166715	1,65151954	63,50528	65,34094	0	0
Error	264	9,636245	0,03650093				
Total	275	27,802960					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@555,8	1		3,5807	18,937	12,879	98,10	0	< 2e-16	***
1@813,6	1		3,8077	19,958	13,695	104,32	0	< 2e-16	***
2@373,5	1		0,9258	5,498	3,330	25,36	0	8,80e-07	***
3@361,1	1		1,2439	7,276	4,474	34,08	0	1,55e-08	***
4@462,5	1		0,9545	5,661	3,433	26,15	0	6,08e-07	***
5@321,0	1		1,0107	5,978	3,635	27,69	0	2,95e-07	***
6@212,5	1		1,1380	6,690	4,093	31,18	0	5,84e-08	***
7@69,1	1		1,2510	7,315	4,500	34,27	0	1,42e-08	***
7@195,6	1		1,2597	7,363	4,531	34,51	0	1,27e-08	***
9@392,5	1		1,2329	7,215	4,434	33,78	0	1,78e-08	***
10@299,4	1		1,5106	8,728	5,433	41,39	0	5,84e-10	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	12,08309	0,01395	866,169
1@555,8	0,12444	0,01256	9,904
1@813,6	0,12376	0,01212	10,214
2@373,5	-0,06164	0,01224	-5,036
3@361,1	-0,06964	0,01193	-5,838
4@462,5	-0,05969	0,01167	-5,114
5@321,0	0,06182	0,01175	5,262
6@212,5	0,06753	0,01209	5,584
7@69,1	-0,07133	0,01218	-5,854
7@195,6	-0,07155	0,01218	-5,875
9@392,5	-0,07142	0,01229	-5,812
10@299,4	0,07622	0,01185	6,433

THA 15OS

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
```

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	7	27,88425	3,98346427	52,39232	58,27989	0	0
Error	268	19,96116	0,07448194				
Total	275	47,84541					

Drop one QTL at a time ANOVA table:


```

-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@16,5   1      1,554  4,493  3,248   20,86          0  7,52e-06 ***
1@453,5  1      5,287 14,081 11,049   70,98          0  2,22e-15 ***
2@154,6  1      2,211  6,296  4,621   29,68          0  1,15e-07 ***
4@230,4  1      3,316  9,211  6,931   44,52          0  1,44e-10 ***
6@385,8  1      3,850 10,569  8,046   51,68          0  6,50e-12 ***
7@384,4  1      4,519 12,230  9,444   60,67          0  1,49e-13 ***
10@277,2 1      2,295  6,522  4,796   30,81          0  6,84e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

```

Estimated effects:

```

-----
      est      SE      t
Intercept 10,90679 0,01721 633,874
1@16,5    -0,07644 0,01673  -4,568
1@453,5   -0,14518 0,01723  -8,425
2@154,6   -0,09145 0,01678  -5,448
4@230,4    0,11405 0,01709   6,673
6@385,8    0,12137 0,01688   7,189
7@384,4   -0,13705 0,01760  -7,789
10@277,2  0,09384 0,01691   5,551

```

THA 14150S

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```

-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
+ Q12

```

```

      df      SS      MS      LOD      %var Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
Model  12 10,01314 0,83442832 65,54605 66,50125          0          0
Error 263  5,04393 0,01917844
Total 275 15,05707

```

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```

-----
      df Type III SS      LOD      %var F value Pvalue(Chi2) Pvalue(F)
1@689,7  1      0,6997  7,786  4,647   36,48          0  5,23e-09 ***
1@924,7  1      0,8911  9,750  5,918   46,46          0  6,37e-11 ***
2@376,1  1      0,9546 10,388  6,340   49,77          0  1,53e-11 ***
3@361,1  1      0,5907  6,638  3,923   30,80          0  6,97e-08 ***
4@551,0  1      0,5376  6,070  3,570   28,03          0  2,52e-07 ***

```

6@296,3	1	0,8753	9,591	5,813	45,64	0	9,09e-11	***
6@373,8	1	0,8044	8,868	5,342	41,94	0	4,60e-10	***
7@53,3	1	0,6115	6,858	4,061	31,88	0	4,24e-08	***
7@204,8	1	0,4566	5,194	3,033	23,81	0	1,85e-06	***
9@392,5	1	0,5462	6,162	3,628	28,48	0	2,04e-07	***
10@251,6	1	0,6089	6,831	4,044	31,75	0	4,50e-08	***
10@416,6	1	0,6308	7,062	4,189	32,89	0	2,67e-08	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	11,887162	0,010861	1094,500
1@689,7	0,054331	0,008995	6,040
1@924,7	0,061661	0,009046	6,816
2@376,1	-0,061776	0,008756	-7,055
3@361,1	-0,047533	0,008565	-5,550
4@551,0	-0,046292	0,008744	-5,294
6@296,3	0,059671	0,008833	6,756
6@373,8	0,056795	0,008770	6,476
7@53,3	-0,051220	0,009071	-5,647
7@204,8	-0,048091	0,009856	-4,879
9@392,5	-0,047797	0,008956	-5,337
10@251,6	0,048406	0,008591	5,635
10@416,6	0,050399	0,008788	5,735

THA 160Sa

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)
Pvalue(F)						
Model	11	1,014018e-05	9,218341e-07	84,58253	75,61723	0
Error	264	3,269699e-06	1,238522e-08			
Total	275	1,340987e-05				

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@1097,4	1	2,482e-07	4,385	1,851	20,04	0	1,13e-05 ***

2@57,6	1	8,221e-07	13,443	6,131	66,38	0	1,49e-14	***
2@380,6	1	1,081e-06	17,118	8,061	87,27	0	< 2e-16	***
3@259,4	1	8,922e-07	14,460	6,653	72,04	0	1,55e-15	***
3@638,3	1	4,357e-07	7,497	3,249	35,18	0	9,40e-09	***
5@336,5	1	1,149e-06	18,045	8,567	92,75	0	< 2e-16	***
6@73,3	1	2,700e-07	4,755	2,013	21,80	0	4,82e-06	***
6@391,4	1	2,207e-07	3,915	1,646	17,82	0	3,34e-05	***
7@179,9	1	2,460e-06	33,615	18,341	198,58	0	< 2e-16	***
7@412,1	1	4,127e-07	7,124	3,078	33,32	0	2,19e-08	***
9@131,1	1	4,376e-07	7,528	3,263	35,33	0	8,76e-09	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	8,695e+00	7,513e-06	1,157e+06
1@1097,4	-3,074e-05	6,866e-06	-4,477e+00
2@57,6	5,617e-05	6,894e-06	8,147e+00
2@380,6	-6,509e-05	6,968e-06	-9,342e+00
3@259,4	5,865e-05	6,910e-06	8,488e+00
3@638,3	-4,230e-05	7,131e-06	-5,931e+00
5@336,5	6,566e-05	6,818e-06	9,631e+00
6@73,3	-3,194e-05	6,841e-06	-4,669e+00
6@391,4	2,903e-05	6,877e-06	4,221e+00
7@179,9	-9,845e-05	6,986e-06	-1,409e+01
7@412,1	-4,057e-05	7,027e-06	-5,772e+00
9@131,1	-4,118e-05	6,928e-06	-5,944e+00

THA 160Sb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	8,191686	0,682640528	101,1759	81,51408	0	0
Error	263	1,857726	0,007063597				
Total	275	10,049412					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
----	-------------	-----	------	---------	--------------	-----------

1@359,7	1	0,4945	14,144	4,921	70,01	0	3,55e-15	***
1@882,7	1	0,1575	4,877	1,567	22,30	0	3,80e-06	***
2@240,3	1	0,3458	10,231	3,441	48,96	0	2,17e-11	***
3@259,4	1	0,9752	25,289	9,704	138,06	0	< 2e-16	***
4@292,9	1	0,5160	14,691	5,135	73,05	0	1,11e-15	***
4@544,1	1	0,2848	8,547	2,834	40,31	0	9,44e-10	***
5@288,7	1	0,4201	12,219	4,181	59,48	0	2,56e-13	***
6@423,9	1	0,3103	9,258	3,088	43,93	0	1,92e-10	***
7@179,9	1	0,6785	18,659	6,752	96,06	0	< 2e-16	***
7@408,1	1	0,5374	15,228	5,348	76,08	0	3,33e-16	***
8@211,0	1	0,3892	11,400	3,873	55,10	0	1,59e-12	***
9@226,3	1	1,2549	30,932	12,487	177,65	0	< 2e-16	***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	8,769787	0,005822	1506,200
1@359,7	0,043678	0,005220	8,367
1@882,7	0,025084	0,005312	4,722
2@240,3	-0,038786	0,005543	-6,997
3@259,4	0,061160	0,005205	11,750
4@292,9	0,045416	0,005314	8,547
4@544,1	-0,033040	0,005204	-6,349
5@288,7	0,041873	0,005429	7,712
6@423,9	0,035719	0,005389	6,628
7@179,9	-0,051578	0,005262	-9,801
7@408,1	-0,047510	0,005447	-8,722
8@211,0	-0,040819	0,005499	-7,423
9@226,3	-0,070168	0,005264	-13,329

THA 16OSavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
 + Q12
 + Q13

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)
Model	13	2,0799377	0,159995209	105,0658	82,67579	0	0
Error	262	0,4358382	0,001663505				
Total	275	2,5157759					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

```
-----
```

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue (Chi2)	Pvalue (F)	
1@359,7	1		0,10983	13,469	4,366	66,02	0	1,78e-14	***
1@882,7	1		0,04180	5,489	1,662	25,13	0	9,89e-07	***
2@240,3	1		0,07025	8,957	2,792	42,23	0	4,07e-10	***
3@21,8	1		0,03042	4,044	1,209	18,29	0	2,66e-05	***
3@259,4	1		0,25239	27,380	10,032	151,72	0	< 2e-16	***
4@292,9	1		0,13677	16,357	5,436	82,22	0	< 2e-16	***
4@534,8	1		0,06038	7,776	2,400	36,30	0	5,72e-09	***
5@294,6	1		0,11170	13,674	4,440	67,15	0	1,12e-14	***
6@423,0	1		0,08770	10,989	3,486	52,72	0	4,38e-12	***
7@179,9	1		0,16360	19,102	6,503	98,35	0	< 2e-16	***
7@408,4	1		0,13134	15,786	5,220	78,95	0	< 2e-16	***
8@203,9	1		0,10657	13,111	4,236	64,07	0	3,93e-14	***
9@226,3	1		0,29564	31,033	11,752	177,72	0	< 2e-16	***

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1
```

Estimated effects:

```
-----
```

	est	SE	t
Intercept	8,732704	0,002886	3025,948
1@359,7	0,020641	0,002540	8,125
1@882,7	0,012907	0,002575	5,013
2@240,3	-0,017483	0,002690	-6,499
3@21,8	-0,011384	0,002662	-4,277
3@259,4	0,031574	0,002563	12,318
4@292,9	0,023323	0,002572	9,067
4@534,8	-0,015194	0,002522	-6,025
5@294,6	0,021697	0,002648	8,194
6@423,0	0,018489	0,002546	7,261
7@179,9	-0,025277	0,002549	-9,917
7@408,4	-0,023458	0,002640	-8,885
8@203,9	-0,020381	0,002546	-8,004
9@226,3	-0,034048	0,002554	-13,331

THA OsSVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

```
-----
Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11
+ Q12
```

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	5,873684	0,4894736	66,04088	66,77669	0	0
Error	263	2,922325	0,0111115				
Total	275	8,796009					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@720,9	1		0,7013	12,891	7,973	63,11	0	5,73e-14	***
1@924,7	1		0,5999	11,190	6,820	53,99	0	2,54e-12	***
2@376,1	1		0,7300	13,364	8,299	65,70	0	2,00e-14	***
3@159,0	1		0,2642	5,187	3,004	23,78	0	1,87e-06	***
4@250,8	1		0,3663	7,078	4,165	32,97	0	2,58e-08	***
6@211,5	1		0,3543	6,858	4,028	31,88	0	4,24e-08	***
6@373,8	1		0,6730	12,422	7,652	60,57	0	1,63e-13	***
7@190,4	1		0,4868	9,233	5,534	43,81	0	2,02e-10	***
8@432,4	1		0,1886	3,748	2,144	16,97	0	5,09e-05	***
9@477,2	1		0,3977	7,648	4,522	35,80	0	7,14e-09	***
10@274,4	1		0,3364	6,530	3,824	30,28	0	8,89e-08	***
10@442,2	1		0,4607	8,774	5,238	41,46	0	5,68e-10	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	10,985537	0,007304	1504,016
1@720,9	0,051638	0,006500	7,944
1@924,7	0,050216	0,006834	7,348
2@376,1	-0,053955	0,006657	-8,106
3@159,0	0,032573	0,006680	4,876
4@250,8	0,037868	0,006595	5,742
6@211,5	0,036663	0,006493	5,647
6@373,8	0,051030	0,006557	7,783
7@190,4	-0,044670	0,006749	-6,619
8@432,4	0,027452	0,006664	4,120
9@477,2	-0,039905	0,006670	-5,983
10@274,4	0,035804	0,006507	5,502
10@442,2	0,042541	0,006607	6,439

THA 14TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)
Model	9	1,274209e-05	1,415787e-06	64,51564	65,92033	0
Error	266	6,587439e-06	2,476481e-08			
Total	275	1,932953e-05				

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@527,6	1	8,853e-07	7,557	4,580	35,75	0	7,20e-09	***
2@342,9	1	2,760e-06	20,971	14,277	111,44	0	< 2e-16	***
3@279,3	1	2,014e-06	15,986	10,418	81,31	0	< 2e-16	***
4@331,3	1	9,202e-07	7,837	4,761	37,16	0	3,81e-09	***
5@293,1	1	1,044e-06	8,816	5,401	42,15	0	4,12e-10	***
6@86,9	1	1,691e-06	13,696	8,750	68,29	0	6,66e-15	***
7@178,0	1	5,610e-07	4,898	2,902	22,65	0	3,19e-06	***
8@337,2	1	5,455e-07	4,768	2,822	22,03	0	4,30e-06	***
9@361,4	1	1,606e-06	13,075	8,308	64,85	0	2,73e-14	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	5,682e+00	1,172e-05	484877,370
1@527,6	-5,932e-05	9,922e-06	-5,979
2@342,9	1,077e-04	1,020e-05	10,556
3@279,3	-9,070e-05	1,006e-05	-9,017
4@331,3	-5,990e-05	9,826e-06	-6,096
5@293,1	-6,478e-05	9,978e-06	-6,493
6@86,9	8,039e-05	9,728e-06	8,264
7@178,0	-4,652e-05	9,774e-06	-4,760
8@337,2	-4,999e-05	1,065e-05	-4,693
9@361,4	-8,163e-05	1,014e-05	-8,053

THA 15TRa

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

Model formula: $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12 + Q13$

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	13	0,09295118	0,0071500910	84,58641	75,61881	0	0
Error	262	0,02996954	0,0001143876				
Total	275	0,12292072					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@425,2	1	0,005925	10,812	4,820	51,80	0	6,49e-12 ***
1@589,6	1	0,004901	9,077	3,987	42,84	0	3,11e-10 ***
2@359,1	1	0,004087	7,661	3,325	35,73	0	7,39e-09 ***
3@344,2	1	0,005202	9,592	4,232	45,47	0	9,84e-11 ***
4@551,0	1	0,006128	11,150	4,985	53,57	0	3,06e-12 ***
5@476,6	1	0,001909	3,700	1,553	16,69	0	5,87e-05 ***
6@98,6	1	0,002878	5,496	2,341	25,16	0	9,74e-07 ***
6@277,1	1	0,010536	18,055	8,571	92,10	0	< 2e-16 ***
7@166,2	1	0,008618	15,148	7,011	75,34	0	4,44e-16 ***
7@319,6	1	0,010481	17,973	8,526	91,62	0	< 2e-16 ***
8@324,4	1	0,005227	9,635	4,252	45,69	0	8,94e-11 ***
9@244,1	1	0,003237	6,146	2,633	28,29	0	2,24e-07 ***
10@273,6	1	0,011702	19,756	9,520	102,30	0	< 2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	10,2404912	0,0008430	12147,812
1@425,2	0,0049290	0,0006849	7,197
1@589,6	0,0043783	0,0006689	6,545
2@359,1	-0,0043052	0,0007203	-5,977
3@344,2	-0,0045464	0,0006742	-6,743
4@551,0	-0,0049755	0,0006798	-7,319
5@476,6	0,0029586	0,0007243	4,085
6@98,6	0,0033702	0,0006719	5,016
6@277,1	0,0066154	0,0006893	9,597
7@166,2	-0,0059046	0,0006803	-8,680
7@319,6	-0,0065997	0,0006895	-9,572
8@324,4	0,0049130	0,0007268	6,760
9@244,1	0,0036000	0,0006768	5,319
10@273,6	0,0067620	0,0006685	10,115

THA 15TRb

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	35,02407	2,91867251	87,502	76,77651	0	0
Error	263	10,59414	0,04028191				
Total	275	45,61821					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@278,1	1		1,3314	7,095	2,918	33,05	0	2,48e-08	***
1@1034,3	1		2,1534	11,090	4,721	53,46	0	3,18e-12	***
2@345,2	1		2,6829	13,529	5,881	66,60	0	1,38e-14	***
3@274,4	1		4,2175	20,084	9,245	104,70	0	< 2e-16	***
4@354,5	1		1,1046	5,944	2,421	27,42	0	3,35e-07	***
5@68,1	1		0,7807	4,261	1,711	19,38	0	1,56e-05	***
5@267,7	1		2,8150	14,122	6,171	69,88	0	3,77e-15	***
6@145,7	1		3,5893	17,487	7,868	89,11	0	< 2e-16	***
7@246,3	1		2,4017	12,246	5,265	59,62	0	2,41e-13	***
8@455,1	1		1,3376	7,126	2,932	33,21	0	2,31e-08	***
9@536,1	1		1,3620	7,249	2,986	33,81	0	1,75e-08	***
10@163,2	1		3,9894	19,154	8,745	99,04	0	< 2e-16	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	9,29329	0,01496	621,319
1@278,1	-0,07946	0,01382	-5,749
1@1034,3	-0,09117	0,01247	-7,312
2@345,2	-0,10798	0,01323	-8,161
3@274,4	0,13743	0,01343	10,232
4@354,5	0,06804	0,01299	5,237
5@68,1	0,05529	0,01256	4,402
5@267,7	0,10824	0,01295	8,360
6@145,7	0,11898	0,01260	9,440
7@246,3	0,09877	0,01279	7,722
8@455,1	-0,07287	0,01265	-5,762
9@536,1	-0,07298	0,01255	-5,815
10@163,2	0,12695	0,01276	9,952

THA 15TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	8,668396	0,788036	85,85692	76,13022	0	0
Error	264	2,717879	0,010295				
Total	275	11,386274					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@278,1	1		0,2626	5,528	2,306	25,51	0	8,22e-07 ***
1@1025,7	1		0,7548	14,687	6,629	73,31	0	8,88e-16 ***
2@344,8	1		0,5172	10,440	4,542	50,23	0	1,24e-11 ***
3@262,9	1		1,4690	25,897	12,902	142,69	0	< 2e-16 ***
4@294,4	1		0,3000	6,276	2,635	29,15	0	1,50e-07 ***
5@68,1	1		0,3457	7,177	3,036	33,58	0	1,94e-08 ***
5@250,3	1		0,7103	13,915	6,238	68,99	0	5,22e-15 ***
6@98,0	1		0,8999	17,141	7,903	87,41	0	< 2e-16 ***
7@247,7	1		0,6173	12,267	5,422	59,96	0	2,07e-13 ***
10@160,0	1		0,8183	15,774	7,187	79,48	0	< 2e-16 ***
10@254,5	1		0,2401	5,074	2,109	23,32	0	2,32e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	9,793133	0,007496	1306,390
1@278,1	-0,034684	0,006867	-5,051
1@1025,7	-0,055551	0,006488	-8,562
2@344,8	-0,047137	0,006651	-7,088
3@262,9	0,075214	0,006297	11,945
4@294,4	0,034099	0,006316	5,399
5@68,1	0,036301	0,006264	5,795
5@250,3	0,052426	0,006312	8,306
6@98,0	0,059828	0,006399	9,349
7@247,7	0,049744	0,006424	7,744
10@160,0	0,061173	0,006862	8,915
10@254,5	0,032646	0,006760	4,829

THA 1415TRavg

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	3,871409	0,351946265	86,84291	76,5197	0	0
Error	264	1,187953	0,004499823				
Total	275	5,059362					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@278,1	1	0,09610	4,662	1,899	21,36	0	5,97e-06 ***
1@1025,7	1	0,30686	13,770	6,065	68,19	0	7,22e-15 ***
2@344,8	1	0,24644	11,298	4,871	54,77	0	1,82e-12 ***
3@262,9	1	0,66547	26,658	13,153	147,89	0	< 2e-16 ***
4@294,4	1	0,12855	6,158	2,541	28,57	0	1,96e-07 ***
5@90,2	1	0,17107	8,063	3,381	38,02	0	2,61e-09 ***
5@245,1	1	0,35427	15,642	7,002	78,73	0	< 2e-16 ***
6@98,0	1	0,41805	18,071	8,263	92,90	0	< 2e-16 ***
7@247,7	1	0,27308	12,401	5,398	60,69	0	1,54e-13 ***
10@160,0	1	0,45688	19,503	9,030	101,53	0	< 2e-16 ***
10@256,8	1	0,09888	4,792	1,954	21,97	0	4,43e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	8,420463	0,004968	1694,819
1@278,1	-0,021043	0,004554	-4,621
1@1025,7	-0,035399	0,004287	-8,258
2@344,8	-0,032544	0,004398	-7,400
3@262,9	0,050539	0,004156	12,161
4@294,4	0,022392	0,004190	5,345
5@90,2	0,026073	0,004229	6,166
5@245,1	0,036908	0,004160	8,873
6@98,0	0,040574	0,004209	9,639
7@247,7	0,033037	0,004241	7,790
10@160,0	0,045419	0,004507	10,076
10@256,8	0,020764	0,004429	4,688

THA 16TR

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression

Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	10	40,63179	4,06317930	65,96449	66,73432	0	0
Error	265	20,25411	0,07643061				
Total	275	60,88590					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@297,2	1	1,415	4,047	2,324	18,51	0	2,37e-05 ***
1@440,0	1	6,664	17,046	10,944	87,18	0	< 2e-16 ***
2@274,9	1	1,806	5,119	2,966	23,63	0	2,00e-06 ***
2@336,4	1	4,476	11,966	7,351	58,56	0	3,67e-13 ***
3@331,3	1	1,664	4,732	2,733	21,77	0	4,87e-06 ***
4@254,0	1	2,894	8,004	4,753	37,86	0	2,79e-09 ***
5@269,1	1	7,603	19,103	12,488	99,48	0	< 2e-16 ***
7@122,4	1	1,300	3,728	2,135	17,01	0	4,99e-05 ***
9@264,9	1	6,330	16,298	10,396	82,81	0	< 2e-16 ***
10@203,0	1	5,515	14,434	9,058	72,16	0	1,44e-15 ***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	8,31003	0,01902	436,900
1@297,2	0,07586	0,01763	4,303
1@440,0	0,16821	0,01801	9,337
2@274,9	-0,08531	0,01755	-4,861
2@336,4	0,14162	0,01851	7,652
3@331,3	0,08119	0,01740	4,666
4@254,0	0,10431	0,01695	6,153
5@269,1	-0,16977	0,01702	-9,974
7@122,4	-0,07018	0,01702	-4,124
9@264,9	0,15407	0,01693	9,100
10@203,0	0,14605	0,01719	8,495

THA TRSVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11 + Q12

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	12	5,667985	0,472332057	89,09068	77,38402	0	0
Error	263	1,656505	0,006298498				
Total	275	7,324490					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
1@460,6	1		0,3134	10,385	4,279	49,76	0	1,54e-11 ***
1@1025,7	1		0,3422	11,256	4,673	54,34	0	2,20e-12 ***
2@273,7	1		0,2148	7,307	2,933	34,10	0	1,54e-08 ***
3@260,1	1		0,6738	20,454	9,199	106,97	0	< 2e-16 ***
4@294,4	1		0,2656	8,913	3,627	42,17	0	4,15e-10 ***
6@98,4	1		0,4161	13,432	5,681	66,07	0	1,71e-14 ***
6@251,7	1		0,1017	3,571	1,388	16,14	0	7,67e-05 ***
7@244,3	1		0,1837	6,303	2,508	29,17	0	1,49e-07 ***
8@369,6	1		0,1909	6,539	2,607	30,32	0	8,72e-08 ***
9@308,0	1		0,2758	9,230	3,765	43,79	0	2,04e-10 ***
10@187,0	1		0,6420	19,632	8,765	101,93	0	< 2e-16 ***
10@254,5	1		0,3278	10,822	4,476	52,05	0	5,78e-12 ***

 Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	8,406762	0,005706	1473,239
1@460,6	0,036167	0,005127	7,054
1@1025,7	-0,037749	0,005121	-7,371
2@273,7	-0,029466	0,005046	-5,840
3@260,1	0,050628	0,004895	10,343
4@294,4	0,032233	0,004963	6,494
6@98,4	0,040385	0,004968	8,128
6@251,7	-0,019870	0,004945	-4,018
7@244,3	0,027180	0,005033	5,401
8@369,6	-0,029755	0,005404	-5,506
9@308,0	0,032765	0,004951	6,617
10@187,0	0,054372	0,005385	10,096
10@254,5	0,039111	0,005421	7,214

THA SVE

fitqtl summary

Method: Haley-Knott regression
 Model: normal phenotype
 Number of observations : 276

Full model result

 Model formula: y ~ Q1 + Q2 + Q3 + Q4 + Q5 + Q6 + Q7 + Q8 + Q9 + Q10 + Q11

	df	SS	MS	LOD	%var	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)
Model	11	3,411077	0,310097944	61,62622	64,23706	0	0
Error	264	1,899062	0,007193416				
Total	275	5,310139					

Drop one QTL at a time ANOVA table:

	df	Type	III SS	LOD	%var	F value	Pvalue(Chi2)	Pvalue(F)	
1@377,2	1		0,2378	7,070	4,478	33,05	0	2,47e-08	***
1@813,6	1		0,2848	8,374	5,363	39,59	0	1,30e-09	***
2@247,2	1		0,2113	6,324	3,980	29,38	0	1,34e-07	***
4@254,9	1		0,4122	11,773	7,763	57,30	0	6,26e-13	***
5@74,4	1		0,1331	4,059	2,506	18,50	0	2,40e-05	***
6@278,0	1		0,2205	6,583	4,152	30,65	0	7,45e-08	***
6@410,3	1		0,2833	8,333	5,335	39,38	0	1,42e-09	***
7@53,3	1		0,1344	4,097	2,530	18,68	0	2,19e-05	***
8@203,0	1		0,1269	3,877	2,390	17,64	0	3,65e-05	***
9@477,2	1		0,1669	5,049	3,143	23,20	0	2,46e-06	***
10@274,4	1		0,8598	22,383	16,192	119,53	0	< 2e-16	***

Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Estimated effects:

	est	SE	t
Intercept	10,058324	0,006132	1640,328
1@377,2	0,031213	0,005429	5,749
1@813,6	0,033166	0,005271	6,292
2@247,2	-0,029661	0,005472	-5,420
4@254,9	0,039402	0,005205	7,570
5@74,4	0,022663	0,005269	4,301
6@278,0	0,030360	0,005484	5,536
6@410,3	0,034309	0,005467	6,275
7@53,3	-0,023683	0,005480	-4,322
8@203,0	-0,022356	0,005323	-4,200
9@477,2	-0,025576	0,005310	-4,817
10@274,4	0,056925	0,005207	10,933

Životopis i popis publikacija

Rođen sam 13. studenog 1990. godine u Osijeku. Nakon završenog srednjoškolskog obrazovanja usmjerenja Poljoprivredni-tehničar-fitofarmaceut u Srednjoj školi Valpovo, 2009. godine upisujem Poljoprivredni fakultet u Osijeku, preddiplomski studij Hortikultura. Po završetku preddiplomskog istraživanje 2012. godine upisujem diplomski studij Ishrana bilja i tloznanstvo na istom fakultetu, te se na projektu pod vodstvom doc.dr.sc Miroslava Lisjaka uključujem u znanstveni rad. Nakon završene prve godine diplomskog istraživanje Ishrana bilja i tloznanstvo paralelno upisujem studij Ekološka poljoprivreda na istom fakultetu. 2014. godine dobitnik sam Rektorove nagrade za izvrstan seminarski rad pod mentorstvom doc.dr.sc. Miroslava Lisjaka. Studij Ishrana bilja i tloznanstvo završavam u lipnju 2014. godine, a studij Ekološka poljoprivreda u listopadu 2016. godine. Tijekom istraživanje sam bio stipendist za izvrsnost Sveučilišta Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku.

U siječnju 2015. godine zaposlen sam kao doktorand na projektu Hrvatske zaklade za znanost „Genetika i fiziologija tolerancije na višestruki stres kod kukuruza“ pod vodstvom dr.sc. Domagoja Šimića, na Odjelu za oplemenjivanje i genetiku kukuruza Poljoprivrednog instituta Osijek, kada upisujem Poslijediplomski interdisciplinarni sveučilišni doktorski studij „Molekularne bioznanosti“, modul Biologija biljaka. Po dolasku na Poljoprivredni institut Osijek započinjem s radom na prikupljanju i obradi podataka za svoj doktorski rad, te s radom na komercijalnom oplemenjivačkom programu kukuruza s ciljem skraćivanja trajanja vegetacije poznatih hibridnih uzoraka. U jesen 2015. godine pohađao sam poslijediplomski kolegij „Breeding Plants using Genomics, Phenomics, and Agronomics“ kod profesora prof.dr.sc. Rexa Bernarda na sveučilištu BOKU u Austriji. Tokom 2016. godine položio sam posljednje ispite na doktorskom studiju s ukupnim prosjekom ocjena 5,00. U zimu/proljeće 2017. godine u sklopu HRZZ projekta posjetio sam Sveučilište u Minnesoti, Minneapolis/St. Paul kao gostujući student kod prof.dr.sc. Rexa Bernarda. Tema specijalizacije bila je uporaba regresije za definiranje važnih genetskih, fizioloških i okolinskih varijabli s ciljem predviđanja fenotipa kod kukuruza.

Kao autor i koautor sam objavio 4 znanstvena rada i četiri su u postupku objave. Sudjelovao sam na ukupno 11 znanstvenih skupova i simpozija.

Popis publikacija:

Originalni znanstveni rad citiran u CC

Franić, M., **Galić, V.**, Mazur, M., Šimić, D. (2017): Effects of excess cadmium in soil on JIP-test parameters, hydrogen peroxide content and antioxidant activity in two maize inbreds and their hybrid. *Photosynthetica* (XX). DOI: 10.1007/s11099-017-0710-7

Galić, V., Franić, M., Jambrović, A., Zdunić, Z., Brkić, A., Šimić, D. (2017) QTL mapping for grain quality traits in testcrosses of a maize biparental population using genotyping-by-sequencing data. *Poljoprivreda* 23(1): 28-33, DOI: 10.18047/poljo.23.1.5

Kongresno priopćenje u zborniku radova s međunarodnom recenzijom

Lisjak, M., **Galić, V.**, Fališevac, B., Špoljarević, M., Wood, E.M., Whiteman, M., Wilson, D.I., Hancock, J.T. (2014): The role of hydrogen sulfide in salt stress tolerance in plants. Zbornik sažetaka: 15th Ružička days "Today science - tomorrow industry" Šubarić, D., Jukić, A. (ur.). pp:325-334.

Franić, M., **Galić, V.**, Ledenčan, T., Jambrović, A., Brkić, I., Zdunić, Z., Brkić, A., Brkić, J., Šimić, D. (2017): Changes of chlorophyll a fluorescence parameters in water limited maize IBM population. Zbornik sažetaka: 52. hrvatski i 12. međunarodni Simpozij agronoma, Dubrovnik, Vila, S., Antunović, Z. (ur.). pp:208-211

Radovi u postupku objavljivanja:

Galić, V., Franić, M., Brkić, A., Šimić, D., Brkić, J., Ledenčan, T. (2018): QTL analysis and genomewide selection for Fusarium ear rot and fumonisin contamination in testcrosses of maize population in environments with high occurrence of *Ostrinia nubilalis* Hübner. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* (Rad u recenziji)

Franić, M., **Galić, V.**, Jambrović, A., Zdunić, Z., Volenik, M., Šimić, D. (2018): Photosynthetic properties of five maize hybrids under different environmental conditions probed by the means of chlorophyll *a* fluorescence. *Canadian Journal of Plant Science* (rad u recenziji)

Galić, V., Franić, M., Volenik, M., Šimić, D., Jambrović, A. (2018): Generic wood moisture meter as a tool for fast and accurate field assessment of maize grain moisture. (rad predan u časopis Poljoprivreda)

Galić, V., Franić, M., Jambrović, A., Brkić, I., Ledenčan, T., Zdunić, Z., Brkić, A., Volenik, M., Šimić, D. (2018): QTL analysis for secondary traits in maize before and after the

genomewide predictions. (rad prihvaćen za objavljivanje u zborniku radova 53. hrvatskog i 13. međunarodnog simpozija agronoma)

Kongresno priopćenje u zborniku - usmena prezentacija na međunarodnom skupu

Brkić, I., Cesar, V., Ledenčan, T., Jambrović, A., Zdunić, Z., Andrić, L., Brkić, J., Brkić, A., Antunović, J., Begović, L., Mazur, M., Franić, M., Galić, V., Šimić, D. (2015): Tolerancija na višestruki stres – postoji li univerzalni lijek? Zbornik sažetaka: 50. hrvatski i 10. međunarodni Simpozij agronoma Pospišil, M. (ur.). Zagreb, pp:88-89

Franić, M., Mazur, M., Antunović, J., Begović, L., Andrić, L., Jambrović, A., Zdunić, Z., Ledenčan, T., **Galić, V.**, Brkić, A., Brkić, J., Brkić, I., Cesar, V., Šimić, D. (2015): Parametri fluorescencije kod tri genotipa kukuruza u uvjetima vodnog stresa i stresa uzrokovanog kadmijem. Zbornik sažetaka: 50. hrvatski i 10. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M. (ur.). Zagreb, pp:104-105

Galić, V., Franić, M., Ledenčan, T., Jambrović, A., Zdunić, Z., Brkić, J., Brkić, A., Brkić, I., Šimić, D. (2016): Kvantitativno genetička analiza svojstava povezanih s abiotičkim i biotičkim stresom kod kukuruza. Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:56-56

Brkić, J., **Galić, V.**, Franić, M., Brkić, A., Jambrović, A., Zdunić, Z., Ledenčan, T., Brkić, I., Šimić, D. (2016): Prinos test križanaca IBM populacije u upravljanim uvjetima suše u Turskoj. Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:39-40

Franić, M., Mazur, M., Begović, L., Antunović-Dunić, J., Andrić, L., Jambrović, A., Zdunić, Z., Ledenčan, T., **Galić, V.**, Brkić, A., Brkić, J., Brkić, I., Cesar, V., Šimić, D. (2016): The effect of cadmium on mitotic index in three maize genotypes. Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:45-46

Brkić, I., Jambrović, A., Zdunić, Z., Ledenčan, T., Atakul, E., Er, Ü., Brkić, J., Brkić, A., Mazur, M., Franić, M., **Galić, V.**, Šimić, D. (2016): Vrlo visoki prinosi hibrida kukuruza u Turskoj kao rezultat specifične interakcije genotip x okolina x upravljanje (GxOxU). Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:39-40

Brkić, A., Brkić, J., Mazur, M., Franić, M., **Galić, V.**, Raspudić, E., Brmež, M., Zdunić, Z., Jambrović, A., Ledenčan, T., Brkić, I., Šimić, D. (2016): Analiza svojstava korijena povezanih sa stresom u populaciji kukuruza. Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:37-38

Galić, V., Ledenčan, T., Franić, M., Jambrović, A., Šimić, D. (2016): Intenzitet fuzarijske truleži klipa i sadržaj fumonizina u zrnu kod testkrižanaca IBM populacije kukuruza u tri okoline. Zbornik sažetaka: 51. hrvatski i 11. međunarodni Simpozij agronoma, Pospišil, M., Vnućec, I. (ur.). Zagreb, pp:83-84

Galić, V., Ledenčan, T., Šimić, D. (2017) Intenzitet fuzarijske truleži klipa i koncentracija fumonizina pri različitim gustoćama sklopa IBM populacije kukuruza. Zbornik sažetaka: Okolišno prihvatljiva proizvodnja kvalitetne i sigurne hrane, Osijek, pp:83-85

Kongresni sažetak u zborniku radova s međunarodnom recenzijom

Antunović-Dunić, J., **Galić, V.,** Franić, M., Lepeduš, H., Cesar, V., Šimić, D. (2015): Monitoring standard deviations of chlorophyll a fluorescence parameter Fv/Fm of JIP-test during increasing water deficit. Conference handbook: Recent progress in drought tolerance: from genetics to modelling, Montpellier, Francuska, pp:142-142

Galić, V., Franić, M., Šimić, D. (2015): Chlorophyll a fluorescence parameters of JIP-test in maize breeding for water-limited environments. Conference handbook: Recent progress in drought tolerance: from genetics to modelling, Montpellier, Francuska, pp:115

Galić, V., Ledenčan, T., Zdunić, Z., Jambrović, A., Brkić, J., Brkić, A., Brkić, I., Šimić, D. (2015): Evaluating four secondary stress-related traits in high planting density in testcrosses of maize IBM population. XXIIIrd EUCARPIA Maize and Sorghum Conference, Conference book. Montpellier, Francuska, 2015. pp:70

Galić, V., Franić, M., Šimić, D. (2017): Maternalno porijeklo parametara fluorescence klorofila *a* u UPGMA grupiranju recipročnih križanaca kukuruza. Zbornik sažetaka: 52. hrvatski i 12. međunarodni Simpozij agronoma, Vila, S., Antunović, Z. (ur.). Osijek, pp:85

Galić, V., Franić, M., Šimić, D. (2017): Photosynthesis and grain yield in the field environments managed for drought stress during flowering: QTL mapping for testcross performance in IBM population. Conference book: Maize Genetic Conference 2017, Grotewold, Erich (ur.). St. Louis, SAD, pp:243