

Успадкування кількості зерен у колосі в F₁ ячменю ярого при схрещуванні сортів різного походження, напрямів використання та різновидностей

Т. П. Поліщук, В. М. Гудзенко*

Миронівський інститут пшениці імені В. М. Ремесла НААН України, вул. Центральна, 68, с. Центральне, Обухівський р-н, Київська обл., 08853, Україна, *e-mail: barley22@ukr.net

Мета. Виявити особливості успадкування кількості зерен у колосі, схрещуючи різні за походженням, напрямками використання і різновидностями сорти ячменю ярого, та виокремити ефективні генетичні джерела для поліпшення цієї ознаки. **Методи.** Дослідження проводили в Миронівському інституті пшениці імені В. М. Ремесла НААН у 2019 і 2020 рр. В F₁ ячменю ярого двох діалельних схем схрещування за кількістю зерен у колосі визначили ступінь фенотипового домінування, параметри генетичної варіації та комбінаційну здатність. **Результати.** За показником ступеня фенотипового домінування виявлено всі можливі типи успадкування кількості зерен у колосі. У низки комбінацій схрещування встановлено зміну типу успадкування залежно від умов року. Найбільшу кількість комбінацій із наддомінуванням в обох роках відмічено у комбінаціях з плівчастим остистим сортом 'Авгур' та безостим сортом 'Козир'. За параметрами генетичної варіації у схрещуваннях пивоварних сортів (плівчастих остистих) виявлено відповідність адитивно-домінантній моделі, наддомінування і домінування у локусах, а також односпрямованість домінування на збільшення ознаки, зумовлене домінантними ефектами. У схрещуваннях сортів різних ботанічних різновидностей виявлено зміну дії генів у різні роки. А саме: адитивно-домінантної системи – комплементарним епістазом, неповного домінування – наддомінуванням, односпрямованості домінування на збільшення ознаки – різноспрямованістю. Виділено генетичні джерела підвищеної загальної комбінаційної здатності, зокрема плівчасті остисті сорти пивоварного напрямку 'Quench' і 'Авгур', голозерний та безостий сорти 'CDC Rattan' і 'Козир' відповідно. На основі констант специфічної комбінаційної здатності визначено найбільш перспективні комбінації для подальшої селекційної роботи. **Висновки.** Виявлені особливості успадкування кількості зерен у колосі дають змогу оптимально комбінувати батьківські компоненти схрещувань і здійснювати цілеспрямований добір на збільшення ознаки у процесі створення ботанічних різновидностей сортів ячменю ярого різних напрямів використання.

Ключові слова: *Hordeum vulgare* L.; ступінь фенотипового домінування; параметр генетичної варіації; комбінаційна здатність; генетичне джерело.

Вступ

Ячмінь (*Hordeum vulgare* L.) – одна з найпоширеніших культур у світовому сільсько-господарському виробництві, генетичне різноманіття якої надзвичайно велике [1, 2]. Однак і дотепер у виробництві, зокрема й в Україні, використовують лише обмежену кількість його різновидностей [3, 4]. На європейському континенті понад століття активну наукову селекційну роботу з ячменем спрямовували на створення «традиційних» плівчастих остистих сортів, що певною мірою пов'язано з розвитком пивоварної промисловості, технологічним вимогам якої вони найбільше відповідають [5, 6]. Водночас сорти голозерних різновидностей мають низку переваг за поживними цінностями [7–9]. Саме тому все активніше проводять

всесторонні дослідження та селекційну роботу зі створення високоякісних сортів ячменю голозерного [10–12]. У процесі використання побічної продукції ячменю (соломи) завдяки безостим різновидностям розв'язують проблеми, пов'язані з остюками [13]. Окрім технологічних (споживчих) напрямів використання та розмаїття різновидностей, у розширенні генетичної основи створюваних сортів важливу роль відіграє залучення зразків різного екологічного походження [14, 15].

Для ефективного використання у селекційному процесі важливо володіти інформацією не лише про рівень прояву певних ознак, але й щодо особливостей їх генетичного контролю та успадкування [16–18]. Чисельними практичними даними доведено, що господарська і селекційна (сортотворча) цінності одного й того самого сорту (зразка) не тотожні. Це особливо актуально, коли йдеться про лабільні кількісні ознаки, зокрема пов'язані з урожайністю [19–21], планомірне підвищення якої потребує по-

Tetiana Polishchuk

<https://orcid.org/0000-0001-9358-9181>

Volodymyr Hudzenko

<https://orcid.org/0000-0002-9738-1203>

ліпшення окремих елементів її структури та їх оптимального поєднання в одному генотипі. Однією з основних складових врожайності ячменю є кількість зерен у колосі [22–25]. Системні, зокрема діалельні, схрещування дають змогу одночасно вирішувати два завдання – створювати новий вихідний матеріал і всебічно характеризувати залучені батьківські компоненти за особливостями успадкування ознак [26–28].

Тому метою досліджень було визначити особливості успадкування кількості зерен у колосі в діалельних схрещуваннях різних за походженням, напрямами використання і різновидностями сортів ячменю ярого та виокремити ефективні генетичні джерела для поліпшення цієї ознаки.

Матеріали та методика досліджень

Дослідження щодо успадкування кількості зерен у колосі ячменю ярого відбувалися у 2019 і 2020 рр. в умовах Миронівського інституту пшениці імені В. М. Ремесла НААН (МІП). Цьому передувало схрещування за двома повними (6 × 6) діалельними схемами, проведене у 2018–2019 рр. До Схеми I ввели лише плівчасті остисті сорти пивоварного напряму використання різного походження. А саме: створений у МІП сорт ‘МІП Титул’, сорт Інституту рослинництва ім. В. Я. Юр’єва НААН (ІР) ‘Авгур’, а також чотири сорти із Західної Європи (‘Datcha’, ‘Quench’, ‘Gladys’, ‘Beatrix’). До Схеми II долучили безості сорти, створені в ІР (‘Козир’ і ‘Вітраж’), голозерні сорти з Канади (‘Condor’ і ‘CDC Rattan’), а також плівчасті остисті сорти [‘МІП Мирослав’ (МІП) (зернофуражний) і ‘Sebastian’ (Данія) (пивоварний)]. Рослини батьківських компонентів та F_1 вирощували в польових умовах у триразовій повторності, повними рандомізованими блоками. Відстань між рослинами в рядку – 5 см, між рядками – 15 см. Структурний аналіз снопового матеріалу (не менше 25 рослин) проводили з кожного повторення. Кількість зерен визначали у головному колосі. Особливості погодних умов 2019 і 2020 рр., а також основні відмінності між ними та порівняння з багаторічними даними наведено у попередньому повідомленні [29].

Ступінь фенотипового домінування в F_1 визначали за G. M. Veil і R. E. Atkins [30]. Комбінаційну здатність і параметри генетичної варіації інтерпретували відповідно до Nauman B. I та Griffing B. [31–35]. Для розрахунків використовували комп’ютерну програму Statistica 12 (TIBCO, USA).

Результати досліджень

За показником ступеня фенотипового домінування у Схемі I виявлено всі можливі типи успадкування (табл. 1). Однак у низці комбінацій схрещування відмічено зміну типу успадкування залежно від року дослідження. Наприклад, у комбінації ‘Quench’ / ‘Datcha’ ступінь фенотипового домінування у 2019 р. відповідав позитивному наддомінуванню ($h_p = 5,83$), а у 2020-му – негативному наддомінуванню ($h_p = -1,26$). У частини комбінацій амплітуда зміни показника ступеня фенотипового домінування була меншою. Враховуючи зазначене, а також те, що селекція спрямована на збільшення дослідженої ознаки, вищу практичну цінність матимуть комбінації з позитивними наддомінуванням та домінуванням або ж зі зміною одного на інше у різні роки. У Схемі I позитивне наддомінування в обидва роки виявлено у восьми комбінаціях: ‘Beatrix’ / ‘Авгур’, ‘Datcha’ / ‘Авгур’, ‘Gladys’ / ‘Beatrix’, ‘Gladys’ / ‘Авгур’, ‘Авгур’ / ‘Beatrix’, ‘Авгур’ / ‘Datcha’, ‘Авгур’ / ‘Quench’, ‘Авгур’ / ‘Gladys’. Зміна позитивного домінування на наддомінування характерна для трьох комбінацій: ‘Beatrix’ / ‘Datcha’, ‘Glays’ / ‘Datcha’, ‘Авгур’ / ‘МІП Титул’.

У Схемі II також виявлено всі типи успадкування, а також їх варіабельність у низці комбінацій залежно від року досліджень (табл. 2). Так, простежували кардинальну зміну (негативного наддомінування у 2019-му на позитивне у 2020 р.) для комбінацій ‘МІП Мирослав’ / ‘Condor’ (від $h_p = -3,30$ до $h_p = 3,18$) і ‘CDC Rattan’ / ‘Condor’ (від $h_p = -2,68$ до $h_p = 1,44$). Позитивне наддомінування в обидва роки виявлено у восьми комбінаціях: ‘Козир’ / ‘Condor’, ‘Козир’ / ‘Вітраж’, ‘Козир’ / ‘Sebastian’, ‘Condor’ / ‘МІП Мирослав’, ‘Вітраж’ / ‘Козир’, ‘Вітраж’ / ‘Sebastian’, ‘Sebastian’ / ‘Козир’, ‘МІП Мирослав’ / ‘Sebastian’. У різні роки позитивне домінування та наддомінування спостерігали в чотирьох комбінаціях: ‘Козир’ / ‘МІП Мирослав’, ‘Condor’ / ‘Козир’, ‘Sebastian’ / ‘МІП Мирослав’, ‘МІП Мирослав’ / ‘Вітраж’.

За параметрами генетичної варіації у Схемі I за 2019 р. суттєво переважали ефекти домінування (H_1 і H_2) (табл. 3). Однак у 2020 р. внесок адитивних (D) ефектів був майже на рівні з параметром H_1 і навіть більшим за параметр H_2 (табл. 3). У Схемі II, навпаки, у 2019 р. переважали адитивні ефекти, а у 2020-му значно більшими були ефекти домінування. Відповідно показник

Таблиця 1

Рівень прояву та ступінь фенотипового домінування за кількістю зерен у колосі в F_1 ячменю ярого (Схема I)

Компонент схрещування, гібридна комбінація	2019 р.			2020 р.		
	Кількість зерен у колосі, шт.	Показник ступеня фенотипового домінування		Кількість зерен у колосі, шт.	Показник ступеня фенотипового домінування	
		ступінь	тип		ступінь	тип
'МІП Титул'	22,47 ± 0,25	–	–	22,46 ± 0,38	–	–
'МІП Титул' / 'Beatrix'	20,70 ± 0,36	–1,20	НН	20,92 ± 0,45	–1,48	НН
'МІП Титул' / 'Datcha'	20,53 ± 0,35	–3,80	НН	23,07 ± 0,06	0,90	ПД
'МІП Титул' / 'Quench'	20,70 ± 0,10	–87,50	НН	23,27 ± 0,32	–0,35	ПУ
'МІП Титул' / 'Gladys'	21,23 ± 0,06	–1,86	НН	20,60 ± 0,10	–0,15	ПУ
'МІП Титул' / 'Авгур'	21,37 ± 0,21	0,20	ПУ	22,02 ± 0,10	0,69	ПД
'Beatrix'	20,87 ± 0,40	–	–	21,21 ± 0,16	–	–
'Beatrix' / 'МІП Титул'	22,47 ± 0,15	1,00	ПД	21,23 ± 0,25	–0,97	НД
'Beatrix' / 'Datcha'	21,49 ± 0,18	0,55	ПД	25,37 ± 0,12	3,40	ПН
'Beatrix' / 'Quench'	20,77 ± 0,40	–1,13	НН	21,63 ± 0,45	–0,78	НД
'Beatrix' / 'Gladys'	21,03 ± 0,31	–0,55	НД	20,68 ± 0,39	0,47	ПУ
'Beatrix' / 'Авгур'	22,77 ± 0,25	4,30	ПН	21,60 ± 0,10	1,48	ПН
'Datcha'	21,67 ± 0,42	–	–	23,10 ± 0,44	–	–
'Datcha' / 'МІП Титул'	19,57 ± 0,55	–6,20	НН	24,70 ± 0,53	6,03	ПН
'Datcha' / 'Beatrix'	20,87 ± 0,85	–0,99	НД	24,77 ± 0,99	2,77	ПН
'Datcha' / 'Quench'	21,93 ± 0,15	–0,31	ПУ	24,93 ± 0,64	1,00	ПН
'Datcha' / 'Gladys'	21,43 ± 0,50	–6,47	НН	22,53 ± 1,91	0,71	ПД
'Datcha' / 'Авгур'	22,40 ± 0,70	1,75	ПН	23,60 ± 0,62	1,28	ПН
'Quench'	22,43 ± 0,45	–	–	24,93 ± 0,74	–	–
'Quench' / 'МІП Титул'	22,40 ± 0,20	–2,50	НН	22,70 ± 0,10	–0,81	НД
'Quench' / 'Beatrix'	21,57 ± 0,15	–0,11	ПУ	21,93 ± 0,15	–0,61	НД
'Quench' / 'Datcha'	24,27 ± 0,38	5,83	ПН	22,87 ± 0,59	–1,26	НН
'Quench' / 'Gladys'	23,53 ± 0,15	3,70	ПН	22,20 ± 0,10	0,04	ПУ
'Quench' / 'Авгур'	24,70 ± 0,10	2,68	ПН	23,23 ± 0,15	0,37	ПУ
'Gladys'	21,61 ± 0,02	–	–	19,23 ± 0,65	–	–
'Gladys' / 'МІП Титул'	21,50 ± 0,10	–1,25	НН	20,60 ± 0,10	–0,15	ПУ
'Gladys' / 'Beatrix'	24,93 ± 0,07	9,92	ПН	21,43 ± 0,38	1,23	ПН
'Gladys' / 'Datcha'	22,17 ± 0,58	16,68	ПН	22,50 ± 1,04	0,69	ПД
'Gladys' / 'Quench'	23,00 ± 0,10	2,40	ПН	22,40 ± 0,10	0,11	ПУ
'Gladys' / 'Авгур'	24,37 ± 0,45	3,92	ПН	22,57 ± 0,06	18,63	ПН
'Авгур'	19,72 ± 0,07	–	–	19,57 ± 0,65	–	–
'Авгур' / 'МІП Титул'	24,43 ± 0,45	2,43	ПН	22,17 ± 0,71	0,80	ПД
'Авгур' / 'Beatrix'	21,91 ± 0,60	2,81	ПН	21,97 ± 0,75	1,92	ПН
'Авгур' / 'Datcha'	21,97 ± 0,71	1,30	ПН	24,60 ± 0,26	1,85	ПН
'Авгур' / 'Quench'	23,13 ± 0,15	1,52	ПН	25,27 ± 0,29	1,13	ПН
'Авгур' / 'Gladys'	24,17 ± 0,25	3,71	ПН	21,13 ± 0,72	10,20	ПН

Примітка. НН – негативне наддомінування, НД – негативне домінування, ПУ – проміжне успадкування, ПД – позитивне домінування, ПН – позитивне наддомінування.

$\sqrt{H_1/D}$ вказував на наддомінування в локусах у Схемі I за 2019 р. ($\sqrt{H_1/D} = 2,54$), а також у Схемі II за 2020 р. ($\sqrt{H_1/D} = 1,57$). Однак у Схемі I за 2020 р. відмічено домінування ($\sqrt{H_1/D} = 1,04$), а у Схемі II за 2019 р. – неповне домінування ($\sqrt{H_1/D} = 0,90$). Параметри F і $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$ вказують на переважання в обох схемах в обидва роки домінантних алелів над рецесивними. Виявлено надзвичайно сильну асиметричність розподілу домінантних і рецесивних алелів у локусах. Зокрема у Схемі I – в обидва роки ($H_2/4H_1 = 0,16$ і $0,17$), а у Схемі II – в 2019 р. ($H_2/4H_1 = 0,17$). У 2020 р. у дру-

гій схемі розподіл також був нерівномірним, але менш вираженим ($H_2/4H_1 = 0,23$).

Коефіцієнт кореляції суми коваріанс і варіанс із середнім значенням ознаки ($r[(W_F + V_F)_i; x_i]$), а також показник F_1 -P вказують, що домінування було у напрямі збільшення рівня прояву ознаки. У Схемі I в обидва роки воно зумовлювалось переважно домінантними ефектами, хоча у 2020 р. значення показника спрямованості домінування були близькими до межі достовірності ($r = -0,58 \pm 0,41$). У Схемі II більше значення ознаки у 2020 р. визначалося домінантними ефектами ($r = -0,76 \pm 0,32$). Однак у 2019 р.

Таблиця 2

Рівень прояву та ступінь фенотипового домінування за кількістю зерен у колосі в ячменю ярого (Схема II)

Компонент схрещування, гібридна комбінація	2019 р.			2020 р.		
	Кількість зерен у колосі, шт.	Показник ступеня фенотипового домінування		Кількість зерен у колосі, шт.	Показник ступеня фенотипового домінування	
		ступінь	тип		ступінь	тип
'Козир'	21,67 ± 1,16	–	–	20,00 ± 0,30	–	–
'Козир' / 'Condor'	24,50 ± 0,72	1,04	ПН	27,00 ± 0,10	6,00	ПН
'Козир' / 'Вітраж'	23,33 ± 0,32	5,71	ПН	25,67 ± 0,12	5,20	ПН
'Козир' / 'Sebastian'	22,37 ± 0,25	1,56	ПН	22,87 ± 0,59	5,78	ПН
'Козир' / 'МІП Мирослав'	23,70 ± 0,52	0,61	ПД	23,10 ± 0,10	3,87	ПН
'Козир' / 'CDC Rattan'	23,50 ± 0,26	–0,33	ПУ	22,10 ± 0,61	–0,11	ПУ
'Condor'	24,44 ± 0,37	–	–	22,00 ± 0,20	–	–
'Condor' / 'Козир'	23,97 ± 0,42	0,66	ПД	26,80 ± 0,26	5,80	ПН
'Condor' / 'Вітраж'	21,23 ± 0,83	–0,85	НД	23,23 ± 0,15	15,80	ПН
'Condor' / 'Sebastian'	20,60 ± 0,10	–0,47	ПУ	21,13 ± 0,15	0,46	ПУ
'Condor' / 'МІП Мирослав'	24,63 ± 0,15	2,64	ПН	23,03 ± 0,12	3,82	ПН
'Condor' / 'Rattan'	24,79 ± 0,50	–0,74	НД	26,00 ± 0,10	1,93	ПН
'Вітраж'	20,97 ± 0,81	–	–	21,83 ± 0,40	–	–
'Вітраж' / 'Козир'	23,33 ± 0,31	5,71	ПН	23,90 ± 0,20	3,27	ПН
'Вітраж' / 'Condor'	21,10 ± 0,53	–0,93	НД	22,57 ± 0,25	7,80	ПН
'Вітраж' / 'Sebastian'	21,73 ± 0,55	1,86	ПН	22,00 ± 0,10	1,11	ПН
'Вітраж' / 'МІП Мирослав'	23,39 ± 0,34	0,50	ПУ	22,90 ± 0,36	4,82	ПН
'Вітраж' / 'CDC Rattan'	21,97 ± 0,55	–0,67	НД	23,07 ± 0,06	–0,15	ПУ
'Sebastian'	19,20 ± 0,72	–	–	18,80 ± 0,44	–	–
'Sebastian' / 'Козир'	22,40 ± 0,10	1,59	ПН	22,40 ± 0,10	5,00	ПН
'Sebastian' / 'Condor'	20,60 ± 0,10	–0,47	ПУ	22,20 ± 0,10	1,13	ПН
'Sebastian' / 'Вітраж'	20,77 ± 0,15	0,77	ПД	20,43 ± 0,07	0,07	ПУ
'Sebastian' / 'МІП Мирослав'	23,20 ± 0,10	0,60	ПД	22,47 ± 0,21	1,97	ПН
'Sebastian' / 'CDC Rattan'	24,33 ± 0,38	0,30	ПУ	23,73 ± 0,32	0,66	ПД
'МІП Мирослав'	24,20 ± 0,70	–	–	21,27 ± 0,84	–	–
'МІП Мирослав' / 'Козир'	24,77 ± 1,06	1,45	ПН	20,83 ± 0,59	0,31	ПУ
'МІП Мирослав' / 'Condor'	23,93 ± 0,06	–3,30	НН	22,80 ± 0,10	3,18	ПН
'МІП Мирослав' / 'Вітраж'	23,83 ± 0,76	0,77	ПД	23,20 ± 0,10	5,89	ПН
'МІП Мирослав' / 'Sebastian'	25,13 ± 0,46	1,37	ПН	23,37 ± 0,35	2,70	ПН
'МІП Мирослав' / 'CDC Rattan'	26,57 ± 0,47	–0,63	НД	25,20 ± 0,70	1,27	ПН
'CDC Rattan'	27,10 ± 0,92	–	–	24,73 ± 1,29	–	–
'CDC Rattan' / 'Козир'	22,80 ± 0,10	–0,58	НД	22,78 ± 0,45	0,17	ПУ
'CDC Rattan' / 'Condor'	22,21 ± 0,26	–2,68	НН	25,33 ± 1,67	1,44	ПН
'CDC Rattan' / 'Вітраж'	23,53 ± 0,23	–0,16	ПУ	25,05 ± 1,33	1,22	ПН
'CDC Rattan' / 'Sebastian'	24,77 ± 0,41	0,41	ПУ	25,39 ± 0,74	1,22	ПН
'CDC Rattan' / 'МІП Мирослав'	22,84 ± 0,38	–1,94	НН	24,36 ± 0,29	0,78	ПД

Примітка. НН – негативне наддомінування, НД – негативне домінування, ПУ – проміжне успадкування, ПД – позитивне домінування, ПН – позитивне наддомінування.

коефіцієнт кореляції був недостовірним ($r = -0,22 \pm 0,49$), а тому не можна однозначно стверджувати домінантні чи рецесивні ефекти збільшували ознаку. Отже, у цьому разі можуть мати місце домінантні та (або) рецесивні ефекти, що здатні як збільшувати ознаку, так і зменшувати її.

Графічний аналіз регресії коваріанси (W_r) на варіансу (V_r) між середнім значенням батьківських компонентів і гібридів узгоджується з особливостями, виявленими за параметрами генетичної варіації, та доповнює їх (рис. 1). Коефіцієнт регресії у Схемі I за 2019 р. становив $b = 0,928$, а за 2020 р. – $b = 0,97$. Тобто в обидва роки між

локусами виявлено відповідність адитивно-домінантній системі. У Схемі II за 2019 р. значення коефіцієнта регресії було достовірно високим ($b = 1,00$), а тому контроль ознаки також визначався адитивно-домінантною системою. Однак у 2020 р. коефіцієнт регресії був недостовірним $b = 0,16$, що вказує на сильний прояв неалельної взаємодії. Комплементарний епістаз чітко помітно на графіку за зміною нахилу лінії регресії до осі V_r .

Отже, на основі аналізу параметрів генетичної варіації та графіків регресії можна зробити висновок, що у Схемі II дія генів була більш складною, а її характер більшою

Таблиця 3

Параметри генетичної варіації за кількістю зерен у колосі в F_1 ячменю ярого

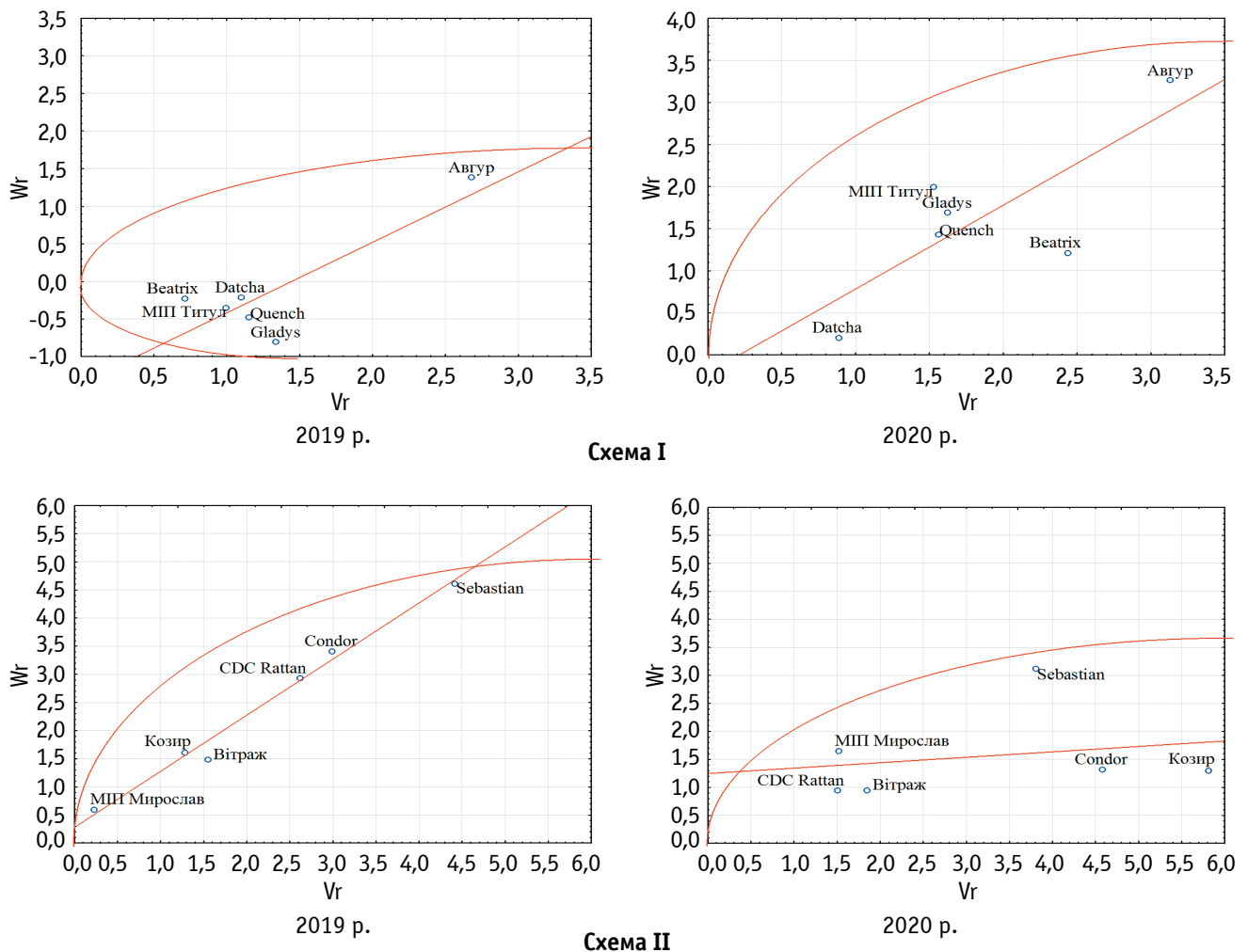
Параметри генетичної варіації	Схема I		Схема II	
	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.
D	1,02	4,64	8,19	4,04
H_1	6,61	4,99	6,66	10,02
H_2	4,13	3,38	4,44	9,38
F	2,55	2,94	6,76	2,06
$\sqrt{H_1/D}$	2,54	1,04	0,90	1,57
$(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$	2,93	1,88	2,69	1,39
$H_2/4H_1$	0,16	0,17	0,17	0,23
$r[(W_r + V_r); x_i]$	$-0,79 \pm 0,30$	$-0,58 \pm 0,41$	$-0,22 \pm 0,49$	$-0,76 \pm 0,32$
F_1-P	0,78	0,86	0,26	2,06

Примітка. D – адитивні ефекти, H_1 і H_2 – ефекти домінування, F – показник відносної частоти розподілу домінантних і рецесивних алелів, $\sqrt{H_1/D}$ – середній ступінь домінування в локусах, $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$ – співвідношення загальної кількості домінантних алелів та рецесивних, $H_2/4H_1$ – середнє значення алелів у локусах, $r[(W_r + V_r); x_i]$ – показник спрямованості домінування, F_1-P – показник напряду домінування.

мірою змінювався у різні роки досліджень. Так, спостерігали зміну адитивно-домінантної системи комплементарним епістазом, неповне домінування у локусах – наддомінуванням, односпрямованість домінування

у напрямку збільшення ознаки – різноспрямованістю домінування.

Характеристику пивоварних сортів ячменю ярого (Схема I) за ефектами загальної комбінаційної здатності (ЗКЗ) подано на ри-

Рис. 1. Графіки регресії W_r / V_r для кількості зерен у колосі в F_1 ячменю ярого

сунку 2. Найбільш перспективними для селекції є генотипи з високими значеннями ЗКЗ за різних умов вирощування. Достовірно високі ефекти ЗКЗ в обидва роки відмічено у сорту 'Quench'. У сорту 'Авгур' у 2019 р. ЗКЗ була достовірно високою, а у 2020 р.

позитивною, але недостовірною (середньою). У сортів 'Datcha' та 'Gladys' у різні роки ефекти ЗКЗ змінювались від достовірно високих до достовірно низьких. Стабільно низькі ефекти ЗКЗ мали сорти 'МІП Титул' і 'Beatrix'.

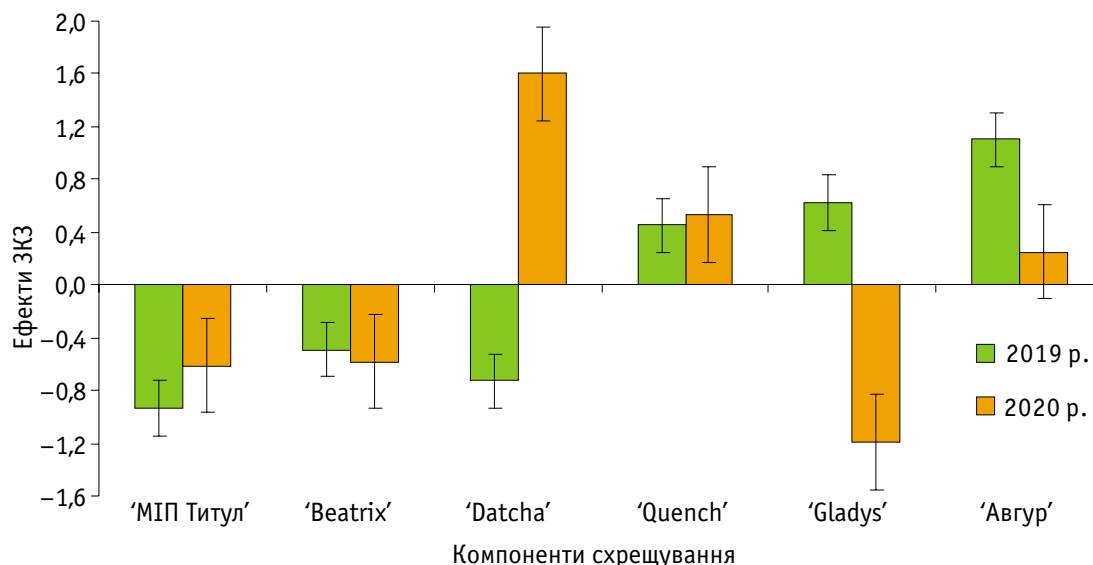


Рис. 2. Ефекти загальної комбінаційної здатності в F₁ ячменю ярого за кількістю зерен у колосі (Схема I)

У Схемі II достовірно високі значення ЗКЗ в обидва роки виявлено у сорту 'CDC Rattan' (рис. 3). Для сорту 'Козир' значення ЗКЗ були позитивними, але на межі достовірності із середніми. У сортів 'МІП Мирослав' і 'Condor' ефекти ЗКЗ варіювались від достовірно високих до достовірно низьких, але у кожного в різні роки. У сортів 'Вітраж' і 'Sebastian' виявлено низьку ЗКЗ як у 2019-му, так і у 2020 р.

У Схемі I в обидва роки не виявлено комбінацій із достовірно високими константами специфічної комбінаційної здатності (СКЗ) (табл. 4). Варіювання від достовірно високих до позитивних, але недостовірних (середніх) значень виявлено у комбінаціях 'Datcha' / 'Beatrix', 'Gladys' / 'Beatrix', 'Авгур' / 'Quench' і 'Авгур' / 'Gladys'. У решти комбінацій константи СКЗ варіювались від високих до низьких або щороку були низькими.

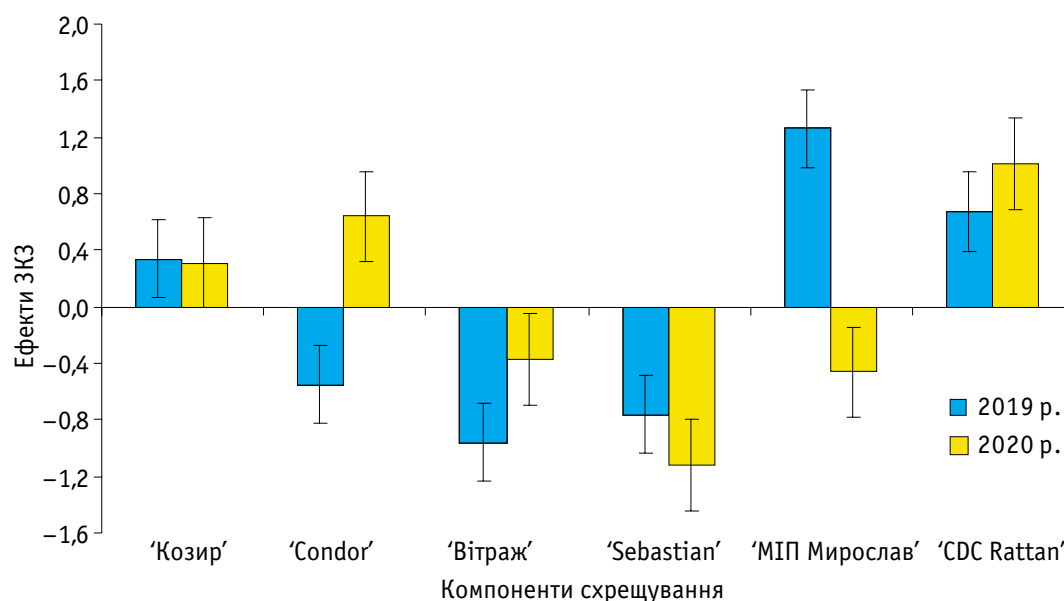


Рис. 3. Ефекти загальної комбінаційної здатності в F₁ ячменю ярого за кількістю зерен у колосі (Схема II)

Таблиця 4

**Константи специфічної комбінаційної здатності в F₁
ячменю ярого за кількістю зерен у колосі (Схема I)**

Компонент схрещування	Рік	Компонент схрещування				
		'МІП Титул'	'Beatrix'	'Datcha'	'Quench'	'Gladys'
'Beatrix'	2019	0,77				
	2020	-0,35				
'Datcha'	2019	-0,53	0,15			
	2020	0,28	1,43			
'Quench'	2019	-0,20	-1,03	1,14		
	2020	0,45	-0,79	-0,85		
'Gladys'	2019	-0,55	0,61	-0,33	-0,04	
	2020	-0,22	0,21	-0,51	0,34	
'Авгур'	2019	0,50	-0,51	-0,43	0,13	0,31
	2020	-0,16	-0,50	-0,36	0,85	0,17

Примітка. 2019 р.: $HIR_{0,05} = 0,35$, 2020 р.: $HIR_{0,05} = 0,60$.

У Схемі II високі значення констант СКЗ у 2019-му і 2020 р. були в комбінаціях 'Condor' / 'Козир', 'Вітраж' / 'Козир' і 'CDC Rattan' / 'Sebastian' (табл. 5). Від високих до середніх константи варіювалися у комбінації 'МІП Мирослав' / 'Sebastian'. Серед-

німи щороку були константи СКЗ у комбінацій 'МІП Мирослав' / 'Вітраж', 'CDC Rattan' / 'Condor', 'CDC Rattan' / 'Вітраж'. У решти комбінацій константи СКЗ варіювалися від середніх до низьких або були низькими у кожному з років досліджень.

Таблиця 5

**Константи специфічної комбінаційної здатності в F₁ ячменю ярого
за кількістю зерен у колосі (Схема II)**

Компонент схрещування	Рік	Компонент схрещування				
		'Козир'	'Condor'	'Вітраж'	'Sebastian'	'МІП Мирослав'
'Condor'	2019	1,25				
	2020	2,45				
'Вітраж'	2019	0,76	-0,52			
	2020	1,35	-0,87			
'Sebastian'	2019	-0,40	-1,29	-0,22		
	2020	-0,05	-1,35	-0,79		
'МІП Мирослав'	2019	-0,56	0,38	0,13	0,47	
	2020	-1,38	-0,76	0,39	1,01	
'CDC Rattan'	2019	-1,06	0,18	-0,15	1,44	-0,42
	2020	-2,37	0,52	-0,07	1,18	0,74

Примітка: 2019 р.: $HIR_{0,05} = 0,48$, 2020 р.: $HIR_{0,05} = 0,55$.

Висновки

Виявлено всі можливі типи успадкування кількості зерен у колосі за показником ступеня фенотипового домінування. У частини комбінацій встановлено зміну типу успадкування залежно від року дослідження. Найбільшу кількість комбінацій із наддомінуванням в обидва роки відмічено у комбінаціях схрещування пивоварного плівчастого остистого сорту 'Авгур' та безостого сорту 'Козир'.

За параметрами генетичної варіації у схемі схрещувань пивоварних сортів відзначено відповідність адитивно-домінантній моделі, наддомінування і домінування в локусах та односпрямованість домінування на збільшення ознаки, зумовлене домінантними ефектами. У схемі схрещувань різних ботанічних

різновидностей спостерігали більш складну дію генів та її зміну у різні роки (зокрема адитивно-домінантної системи – комплементарним епістазом, неповного домінування – наддомінуванням, односпрямованості домінування на збільшення ознаки – різноспрямованістю). Загалом виявлені за параметрами генетичної варіації особливості вказують на значне різноманіття у співвідношенні домінантних і рецесивних ефектів, пов'язаних із рівнем прояву ознаки у залучених до схрещувань компонентів.

Як ефективні генетичні джерела для збільшення кількості зерен у колосі можуть бути використані сорти з вищою, порівняно з іншими, ЗКЗ: плівчасті остисті сорти пивоварного напрямку 'Quench' і 'Авгур', голозерний і безостий сорти 'CDC Rattan' та 'Козир' відповідно.

На основі констант СКС більш перспективними для подальшої селекційної роботи у процесі створення плівчастих остистих сортів є комбінації ‘Datcha’ / ‘Beatrix’, ‘Gladys’ / ‘Beatrix’, ‘Авгур’ / ‘Quench’ і ‘Авгур’ / ‘Gladys’ (пивоварного напрямку), ‘МІП Мирослав’ / ‘Sebastian’ (зернофуражного напрямку); безостих плівчастих – ‘Вітраж’ / ‘Козир’; остистих голозерних – ‘CDC Rattan’ / ‘Condor’. Можливий добір із підвищеною кількістю зерен у колосі різних форм в одних і тих самих комбінаціях: плівчастих і голозерних остистих – ‘CDC Rattan’ / ‘Sebastian’, плівчастих остистих і безостих – ‘МІП Мирослав’ / ‘Вітраж’, усіх можливих комбінацій (плівчастих остистих, плівчастих безостих, голозерних остистих, голозерних безостих) – ‘Condor’ / ‘Козир’ і ‘CDC Rattan’ / ‘Вітраж’.

Виявлені особливості успадкування кількості зерен у колосі дають змогу оптимально комбінувати батьківські компоненти схрещувань та проводити цілеспрямований добір на збільшення ознаки у процесі створення сортів різних напрямів використання та ботанічних різновидностей.

Використана література

- Milner S. G., Jost M., Taketa S. et al. Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics*. 2019. Vol. 51, Iss. 2. P. 319–326. doi: 10.1038/s41588-018-0266-x
- Jayakodi M., Padmarasu S., Haberer G. et al. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature*. 2020. Vol. 588, Iss. 7837. P. 284–289. doi: 10.1038/s41586-020-2947-8
- Козаченко М. Р., Солонечний П. М., Васько Н. І. Особливості комбінаційної здатності за кількісними ознаками різновидностей ячменю ярого. *Селекція і насінництво*. 2011. Вип. 99. С. 53–65. doi: 10.30835/2413-7510.2011.66058
- Компанець К. В., Козаченко М. Р. Селекційна цінність та ефективність використання в селекції безостих та остистих сортів ячменю ярого. *Селекція і насінництво*. 2017. Вип. 112. С. 56–67. doi: 10.30835/2413-7510.2017.120421
- Matthies I. E., Malosetti M., Röder M. S., van Eeuwijk F. Genome-wide association mapping for kernel and malting quality traits using historical European barley records. *PLoS ONE*. 2014. Vol. 9, Iss. 11. e110046. doi: 10.1371/journal.pone.0110046
- Laidig F., Piepo H.-P., Rentel D., Meyer U. Breeding progress, genotypic and environmental variation and correlation of quality traits in malting barley in German official variety trials between 1983 and 2015. *Theoretical and Applied Genetics*. 2017. Vol. 130, Iss. 11. P. 2411–2429. doi: 10.1007/s00122-017-2967-4
- Рибалка О. І., Моргун Б. В., Поліщук С. С. Ячмінь як продукт функціонального харчування. Київ: Логос, 2016. 619 с.
- Shaveta S., Kaur H., Kaur S. Hullless barley: a new era of research for food purposes. *Journal of Cereal Research*. 2019. Vol. 11, Iss. 2. P. 114–124. doi: 10.25174/2249-4065/2019/83719
- Sterna V., Bleiderer M., Sabovics M. et al. Improving nutritional value of products with flour of the hullless barley cultivar ‘Kornelija’ as an ingredient. *Zemdirbyste-Agriculture*. 2021. Vol. 108, Iss. 1. P. 43–50. doi: 10.13080/z-a.2021.108.006
- Васько Н. І., Козаченко М. Р., Поздняков В. В. та ін. Створення голозерних сортів та ліній ячменю ярого з високими харчовими якістьями. *Селекція і насінництво*. 2018. Вип. 114. С. 25–38. doi: 10.30835/2413-7510.2018.152128
- Tokhetova L. A., Umirzakov S. I., Nuryumova R. D. et al. Analysis of economic-biological traits of hull-less barley and creation of source material for resistance to environmental stress factors. *International Journal of Agronomy*. 2020. Article 8847753. doi: 10.1155/2020/8847753
- Лінчевський А. А., Легкун І. Б. Нове ставлення до культури ячменю і селекція в умовах зміни клімату. *Вісник аграрної науки*. 2020. № 9. С. 34–42. doi: 10.31073/agrovisnyk202009-05
- Козаченко М. Р., Васько Н. І., Наумов О. Г. та ін. Ефективність селекції ячменю ярого безостого. *Селекція і насінництво*. 2011. Вип. 100. С. 37–45. doi: 10.30835/2413-7510.2011.66285
- Kumar P., Pratap S., Verma R. P. S. et al. Diversity assessment of hulled barley (*Hordeum vulgare* L.) accessions of ICARDA in Indian condition using cluster analysis. *Indian Journal Of Agricultural Research*. 2018. Vol. 52, Iss. 4. P. 429–433. doi: 10.18805/IJARE.A-4973
- Halewood M., Jamora N., Noriega I. L. et al. Germplasm acquisition and distribution by CGIAR genebanks. *Plants*. 2020. Vol. 9, Iss. 10. Article 1296. doi: 10.3390/plants9101296
- Philipp N., Liu G., Zhao Y. et al. Genomic prediction of barley hybrid performance. *Plant Genome*. 2016. Vol. 9, Iss. 2. P. 1–8. doi: 10.3835/plantgenome2016.02.0016
- Kumari A., Vishwakarma S. R., Singh Y. Evaluation of combining ability and gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.) using Line × Tester analysis. *Electronic Journal of Plant Breeding*. 2020. Vol. 11, Iss. 1. P. 97–102. doi: 10.37992/2020.1101.017
- Zymogliad O. V., Kozachenko M. R., Vasko N. I. et al. Performance inheritance and combining ability of spring barley accessions. *Селекція і насінництво*. 2021. Вип. 119. С. 106–116. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237026
- Swati S., Tiwari K. C., Jaiswal J. P. et al. Genetic architecture of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes for grain yield and yield attributing traits. *Wheat and Barley Research*. 2018. Vol. 10, Iss. 3. P. 179–184. doi: 10.25174/2249-4065/2018/83148
- Xu X., Sharma R., Tondelli A. et al. Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a Pan-European barley cultivar collection. *Plant Genome*. 2018. Vol. 11, Iss. 1. Article 170073. doi: 10.3835/plantgenome2017.08.0073
- Rodrigues O., Minella E., Costenaro E. R. Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agricultural Sciences*. 2020. Vol. 11. P. 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
- Madić M. R., Djurović D. S., Knezević D. S. et al. Combining abilities for spike traits in a diallel cross of barley. *Journal of Central European Agriculture*. 2014. Vol. 15, Iss. 1. P. 108–116. doi: 10.5513/JCEA01/15.1.1419
- Panwar D., Sharma H. Study of combining ability analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2019. Vol. 8, Iss. 12. P. 3004–3011. doi: 10.20546/ijcmas.2019.812.349
- Katiyar A., Sharma A., Singh S. et al. Combining ability analysis for yield traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*. 2021. Vol. 12, Iss. 2. P. 583–588. doi: 10.37992/2021.1202.082
- Гудзенко В. М., Поліщук Т. П., Лисенко А. А. та ін. Рівень прояву та варіабельність кількості зерен у колосі ячменю ярого. *Plant Varieties Studying and Protection*. 2021. Т. 17, № 4. С. 335–349. doi: 10.21498/2518-1017.17.4.2021.249026
- Bouchetat F., Aissat A. Evaluation of the genetic determinism of an F₁ generation of barley resulting from a complete diallel cross between autochthones and introduced cultivars. *Heliyon*. 2019. Vol. 5, Iss. 11. e02744 doi: 10.1016/j.heliyon.2019.e02744
- Козаченко М. Р., Зуєва К. В., Васько Н. І. та ін. Селекційно-генетичні особливості сортів ячменю ярого в системі діалельних схрещувань. *Фактори експериментальної ево-*

люції організмів. 2020. Т. 27. С. 89–93. doi: 10.7124/FEE0.v27.1308

28. Vashchenko V. V., Shevchenko A. A. Variability and genetic control of the «seedlings-earring» interphase period in spring barley under water deficit. *Селекція і насінництво*. 2021. Вип. 119. С. 94–105. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237022
 29. Гудзенко В. М., Поліщук Т. П., Лисенко А. А. та ін. Селекційно-генетичні особливості ячменю ярого за масою 1000 зерен в умовах центральної частини Лісостепу України. *Plant Varieties Studying and Protection*. 2021. Т. 17, № 3. С. 183–192. doi: 10.21498/2518-1017.17.3.2021.242982
 30. Beil G. M., Atkins R. E. Inheritance of quantitative characters in grain Sorghum. *Iowa State College Journal of Science*. 1965. Vol. 39, Iss. 3. P. 139–158.
 31. Hayman B. I. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*. 1954. Vol. 39, Iss. 6. P. 789–809. doi: 10.1093/genetics/39.6.789
 32. Hayman B. I. The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*. 1958. Vol. 43, Iss. 1. P. 63–85. doi: 10.1093/genetics/43.1.63
 33. Hayman B. I. The theory and analysis of diallel crosses. III. *Genetics*. 1960. Vol. 45, Iss. 2. P. 155–172. doi: 10.1093/genetics/45.2.155
 34. Griffing B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Australian Journal of Biological Sciences*. 1956. Vol. 9, Iss. 4. P. 463–493. doi: 10.1071/BI9560463
 35. Griffing B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*. 1956. Vol. 10, Iss. 1. P. 31–50. doi: 10.1038/hdy.1956.2
- ## References
1. Milner, S. G., Jost, M., Taketa, S., Mazón, E. R., Himmelbach, A., Oppermann, M., ... Stein, N. (2019). Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics*, 51(2), 319–326. doi: 10.1038/s41588-018-0266-x
 2. Jayakodi, M., Padmarasu, S., Haberer, G., Bonthala, V. S., Gundlach, H., Monat, C., ... Stein, N. (2020). The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature*, 588(7837), 284–289. doi: 10.1038/s41586-020-2947-8
 3. Kozachenko, M. R., Solonechnyi, P. M., & Vasko, N. I. (2011). Peculiarities of combining ability in terms of quantitative characteristics in varieties of spring barley. *Plant Breeding and Seed Production*, 99, 53–65. doi: 10.30835/2413-7510.2011.66058 [In Ukrainian]
 4. Kompanets, K. V., & Kozachenko, M. R. (2017). Breeding value and efficiency of use of awny and awnless barley cultivars in breeding. *Plant Breeding and Seed Production*, 112, 56–67. doi: 10.30835/2413-7510.2017.120421 [In Ukrainian]
 5. Matthies, I. E., Malosetti, M., Röder, M. S., & van Eeuwijk, F. (2014). Genome-wide association mapping for kernel and malting quality traits using historical European barley records. *PLoS ONE*, 9(11), e110046. doi: 10.1371/journal.pone.0110046
 6. Laidig, F., Piepo, H.-P., Rentel, D., & Meyer, U. (2017). Breeding progress, genotypic and environmental variation and correlation of quality traits in malting barley in German official variety trials between 1983 and 2015. *Theoretical and Applied Genetics*, 130(11), 2411–2429. doi: 10.1007/s00122-017-2967-4
 7. Rybalka, O. I., Morgun, B. V., & Polishchuk, S. S. (2016). *Barley as a product of functional nutrition*. Kyiv: Logos. [In Ukrainian]
 8. Shaveta, S., Kaur, H., & Kaur, S. (2019). Hullless barley: a new era of research for food purposes. *Journal of Cereal Research*, 11(2), 114–124. doi: 10.25174/2249-4065/2019/83719
 9. Sterna, V., Bleidere, M., Sabovics, M., Auzins, A., Leimane, I., & Krievina, A. (2021). Improving nutritional value of products with flour of the hullless barley cultivar ‘Kornelija’ as an ingredient. *Zemdirbyste-Agriculture*, 108(1), 43–50. doi: 10.13080/z-a.2021.108.006
 10. Vasko, N. I., Kozachenko, M. R., Pozdniakov, V. V., Naumov, O. G., Solonechnyi, P. M., Vazhenina, O. E., ... Serik, M. L. (2018). Creation of naked varieties and lines of spring barley with high food qualities. *Plant Breeding and Seed Production*, 114, 25–38. doi: 10.30835/2413-7510.2018.152128 [In Ukrainian]
 11. Tokhetova, L. A., Umirzakov, S. I., Nuryimova, R. D., Baizhanova, B. K., & Akhmedova, G. B. (2020). Analysis of economic-biological traits of hull-less barley and creation of source material for resistance to environmental stress factors. *International Journal of Agronomy*, 2020, 8847753. doi: 10.1155/2020/8847753
 12. Linchevskiy, A., & Legkun, I. (2020). A new attitude to barley culture and selection in the conditions of climate change. *Bulletin of Agricultural Science*, 9, 34–42. doi: 10.31073/agrovisnyk202009-05
 13. Kozachenko, M. R., Vasko, N. I., Naumov, O. G., Ivanova, N. V., Markova, T. Yu., Shelyakina, T. A., & Matviets, V. G. (2011). Awnless spring barley breeding effectiveness. *Plant Breeding and Seed Production*, 100, 37–45. doi: 10.30835/2413-7510.2011.66285
 14. Kumar, P., Pratap, S., Verma, R. P. S., Tikle, A. N., & Malik, R. (2018). Diversity assessment of hulled barley (*Hordeum vulgare* L.) accessions of ICARDA in Indian condition using cluster analysis. *Indian Journal Of Agricultural Research*, 52(4), 429–433. doi: 10.18805/IJARE.A-4973
 15. Halewood, M., Jamora, N., Noriega, I. L., Anglin, N. L., Wenzl, P., Payne, T., ... Lusty, C. (2020). Germplasm acquisition and distribution by CGIAR genebanks. *Plants*, 9(10), 1296. doi: 10.3390/plants9101296
 16. Philipp, N., Liu, G., Zhao, Y., He, S., Reif, J. C., & Li, Z. (2016). Genomic prediction of barley hybrid performance. *Plant Genome*, 9(2), 1–8. doi: 10.3835/plantgenome2016.02.0016
 17. Kumari, A., Vishwakarma, S. R., & Singh, Y. (2020). Evaluation of combining ability and gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.) using Line × Tester analysis. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 11(1), 97–102. doi: 10.37992/2020.1101.017
 18. Zymogliad, O. V., Kozachenko, M. R., Vasko, N. I., Solonechnyi, P. M., Vazhenina, O. E., & Naumov, O. G. (2021). Performance inheritance and combining ability of spring barley accessions. *Plant Breeding and Seed Production*, 119, 106–116. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237026
 19. Swati, S., Tiwari, K. C., Jaiswal, J. P., Kumar, A., & Goel, P. (2018). Genetic architecture of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes for grain yield and yield attributing traits. *Wheat and Barley Research*, 10(3), 179–184. doi: 10.25174/2249-4065/2018/83148
 20. Xu, X., Sharma, R., Tondelli, A., Russell, J., Comadran, J., Schnaithmann, F., ... Flavell, A. J. (2018). Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a Pan-European barley cultivar collection. *Plant Genome*, 11(1), 170073. doi: 10.3835/plantgenome2017.08.0073
 21. Rodrigues, O., Minella, E., & Costenaro, E. R. (2020). Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agricultural Sciences*, 11, 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
 22. Madić, M. R., Djurović, D. S., Knezević, D. S., Paunović, A. S., & Tanasković, S. T. (2014). Combining abilities for spike traits in a diallel cross of barley. *Journal of Central European Agriculture*, 15(1), 108–116. doi: 10.5513/JCEA01/15.1.1419
 23. Panwar, D., & Sharma, H. (2019). Study of combining ability analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(12), 3004–3011. doi: 10.20546/ijcm.2019.812.349
 24. Katiyar, A., Sharma, A., Singh, S., Srivastava, A., & Vishwakarma, S. R. (2021). Combining ability analysis for yield traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 12(2), 583–588. doi: 10.37992/2021.1202.082
 25. Hudzenko, V. M., Polishchuk, T. P., Lysenko, A. A., Khudolii, L. V., Babenko, A. I., & Mandrovska, S. M. (2021). Level of manifestation and variability of grain number per spike in spring barley. *Plant Varieties Studying and Protection*, 17(4), 335–349. doi: 10.21498/2518-1017.17.4.2021.249026
 26. Bouchetat, F., & Aissat, A. (2019). Evaluation of the genetic determinism of an F₁ generation of barley resulting from a complete

- diallel cross between autochthones and introduced cultivars. *Heliyon*, 5(11), e02744. doi: 10.1016/j.heliyon.2019.e02744
27. Kozachenko, M. R., Zuiyeva, K. V., Vasko, N. I., Solonechny, P. M., & Sviatchenko, S. I. (2020). Selection-genetic features of spring barley varieties in a system of dial crosses. *Factors of Experimental Evolution of Organisms*, 27, 89–93. doi: 10.7124/FEE0.v27.1308
 28. Vashchenko, V. V., & Shevchenko, A. A. (2021). Variability and genetic control of the “seedlings-earring” interphase period in spring barley under water deficit. *Plant Breeding and Seed Production*, 119, 94–105. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237022
 29. Hudzenko, V. M., Polishchuk, T. P., Lysenko, A. A., Khudoliy, L. V., & Babenko, A. I. (2021). Breeding and genetic peculiarities of spring barley 1000 kernel weight under conditions of the central part of the Ukrainian Forest-Steppe. *Plant Varieties Studying and Protection*, 17(3), 183–192. doi: 10.21498/2518-1017.17.3.2021.242982
 30. Beil, G. M., & Atkins, R. E. (1965). Inheritance of quantitative characters in grain Sorghum. *Iowa State College Journal of Science*, 39(3), 139–158.
 31. Hayman, B. I. (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39(6), 789–809. doi: 10.1093/genetics/39.6.789
 32. Hayman, B. I. (1958). The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43(1), 63–85. doi: 10.1093/genetics/43.1.63
 33. Hayman, B. I. (1960). The theory and analysis of diallel crosses. III. *Genetics*, 45(2), 155–172. doi: 10.1093/genetics/45.2.155
 34. Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463–493. doi: 10.1071/BI9560463
 35. Griffing, B. (1956). A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10(1), 31–50. doi: 10.1038/hdy.1956.2

UDC 633.16«321»:575.222.7:575.1

Polishchuk, T. P., & Hudzenko, V. M.* (2022). Inheritance of kernel number per spike in F_1 of spring barley obtained from crossings of cultivars of different origin, purpose of use and botanical varieties. *Plant Varieties Studying and Protection*, 18(3), 183–192. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.18.3.2022.269023>

*The V. M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat, NAAS of Ukraine, 68 Tsentralna St., Tsentralne, Obukhiv district, Kyiv region, 08853, Ukraine, *e-mail: barley22@ukr.net*

Purpose. To reveal the peculiarities of inheritance of kernel number per spike in crosses of spring barley cultivars of different origin, purpose of use and botanical varieties, as well as to distinguish effective genetic sources for improving the trait. **Methods.** The study was carried out at the V. M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat of National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine in 2019 and 2020. In F_1 of spring barley in two diallel crossing schemes the degree of phenotypic dominance, parameters of genetic variation, and combining ability for kernel number per spike were determined. **Results.** According to the indicator of the degree of phenotypic dominance, all possible types of inheritance of kernel number per spike were identified. In a number of crossing compositions, a change in the type of inheritance depending on the conditions of the year was revealed. Most combinations with overdominance in both years were noted in crossings of the covered awned cultivar ‘Avgur’, as well as the covered awnless cultivar ‘Kozyr’. According to the parameters of genetic variation in crosses of malting varieties (covered awned), correspondence of the additive-dominant model, overdominance and dominance in loci, as well as

unidirectional dominance to increasing of the trait caused by dominant effects were revealed. When crossing cultivars of different varieties, a change in gene action in different years was found. In particular, additive-dominant system changed to complementary epistasis, incomplete dominance to overdominance, unidirectional dominance to increasing of the trait to multidirectional dominance. The genetic sources of increased general combining ability were identified, as follows: covered awned malting cultivars ‘Quench’ and ‘Avgur’, the naked awned cultivar ‘CDC Rattan’, as well as the covered awnless cultivar ‘Kozyr’. Based on the constants of specific combining ability, the most promising crossing combinations for further breeding efforts were determined. **Conclusions.** The identified peculiarities of the inheritance of kernel number per spike make it possible to optimally combine parental components of crossings and carry out directional selection to increase the trait when developing spring barley cultivars for different use and different botanical varieties.

Keywords: *Hordeum vulgare* L.; degree of phenotypic dominance; parameter of genetic variation; combining ability; genetic source.

*Надійшла / Received 20.09.2022
Погоджено до друку / Accepted 11.10.2022*