

## Селекційно-генетичні особливості ячменю ярого за масою 1000 зерен в умовах центральної частини Лісостепу України

В. М. Гудзенко<sup>1\*</sup>, Т. П. Поліщук<sup>1</sup>, А. А. Лисенко<sup>1</sup>, Л. В. Худолій<sup>2</sup>, А. І. Бабенко<sup>3</sup>

<sup>1</sup>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

<sup>2</sup>Український інститут експертизи сортів рослин, вул. Генерала Родимцева, 15, м. Київ, 03041, Україна

<sup>3</sup>Національний університет біоресурсів і природокористування України, вул. Героїв Оборони, 12, м. Київ, 03041, Україна

**Мета.** Виявити селекційно-генетичні особливості ячменю ярого за масою 1000 зерен та виділити генетичні джерела для селекції в умовах центральної частини Лісостепу України. **Методи.** Дослідження проводили в Миронівському інституті пшениці імені В. М. Ремесла НААН. Досліджували  $F_1$  двох повних ( $6 \times 6$ ) діалельних схем схрещувань. Перша схема включала сучасні як вітчизняні, так закордонні сорти ячменю ярого пивоварного напрямку ('МІП Титул', 'Авгур', 'Datcha', 'Quench', 'Gladys', 'Beatrix'), друга – класичні плівчасті остисті ('МІП Мирослав', 'Sebastian'), безості ('Козир', 'Вітраж') та голозерні ('Condor', 'CDC Rattan') сорти. **Результати.** Виявлено різні типи успадкування маси 1000 зерен, за винятком негативного домінування. Частка комбінацій з відповідними значеннями ступеня фенотипового домінування змінювалась залежно від залучених до схрещувань генотипів та років випробувань. В обох схемах схрещування як у 2019-му, так і у 2020 р. в більшості комбінацій виявлено позитивне наддомінування. Найбільшу кількість комбінацій із проявом гетерозису за різних умов вирощування відзначено в разі залучення до схрещувань сортів 'Gladys' і 'МІП Мирослав'. За параметрами генетичної варіації виявлено, що ознака визначалась переважно адитивно-домінантною системою. Домінування було спрямованим на збільшення маси 1000 зерен. Лише у другій схемі схрещувань у 2019 р. значення показника спрямованості домінування було недостовірним. У локусах виявлено неповне домінування у 2019-му та наддомінування у 2020 р. Достовірно високі ефекти загальної комбінаційної здатності в обидва роки відзначено для сортів 'Datcha', 'Gladys', 'МІП Мирослав', 'Козир' і 'Вітраж'. **Висновки.** Виявлені селекційно-генетичні особливості вказують, що в переважній більшості створених гібридних комбінацій необхідним буде остаточний добір за масою 1000 зерен у пізніших поколіннях, коли домінантні алелі перейдуть у гомозиготний стан. Як ефективні генетичні джерела для підвищення маси 1000 зерен можуть бути використані остисті сорти 'Gladys', 'МІП Мирослав' і 'Datcha', а також безості – 'Козир' і 'Вітраж'.

**Ключові слова:** *Hordeum vulgare* L.; маса 1000 зерен; ступінь фенотипового домінування; параметр генетичної варіації; комбінаційна здатність.

### Вступ

Ячмінь (*Hordeum vulgare* L.) – важлива сільськогосподарська культура, основними

напрямами використання зерна якої, а відповідно й селекції, є зернофуражний, солодовий та харчовий. Кожен з них має певні вимоги до якісних показників зерна, які для солодової промисловості, на противагу кормовим та/або харчовим цілям, є прямо протилежними. Селекційна робота за всіма названими напрямами проводиться в Україні [1–4]. Однак, створені на сьогодні сорти потребують подальшого селекційного вдосконалення, особливо голозерних та безостих різновидностей. Незалежно від напрямку використання та різновидності, сорт повинен характеризуватись високими показниками врожайності у поєднанні з комплексом інших

Volodymyr Hudzenko

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

Tetiana Polishchuk

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

Anna Lysenko

<https://orcid.org/0000-0002-2575-5720>

Liudmyla Khudolii

<https://orcid.org/0000-0002-9586-7592>

Antonina Babenko

<https://orcid.org/0000-0001-5102-3438>

цінних господарських і адаптивних ознак та властивостей [5]. Урожайність зернових культур, і зокрема ячменю, формується за рахунок різних структурних елементів [6, 7], тому її підвищення можливе лише завдяки їхньому поліпшенню та оптимальному комбінуванню в генотипі [8]. Маса 1000 зерен – один з основних елементів структури врожайності ячменю [9, 10]. Ця ознака також суттєво пов'язана з якісними характеристиками [11, 12].

Незважаючи на значний розвиток останніми роками молекулярно-генетичних досліджень, зокрема геномного прогнозування, визначення параметрів генетичної варіації, а також комбінаційної здатності, яка є однією з характеристик перспективності використання відповідних генотипів у селекційній роботі для створення нового генетичного матеріалу, на основі статистичного аналізу фенотипового прояву певних ознак у системних схрещуваннях (діалельних, топкросах), не вичерпали значущості в практичній селекції [13–15]. Підтвердженням цьому є численні вітчизняні й закордонні публікації, присвячені дослідженням генетичної детермінації різних ознак ячменю в діалельних схрещуваннях [16–21]. Водночас дані щодо генетичного контролю маси 1000 зерен різняться залежно від залучених до схрещувань генотипів та умов проведення досліджень [22–25]. Це вказує на актуальність для практичної селекції встановлення селекційно-генетичних особливостей генотипів ячменю ярого різного напрямку використання за масою 1000 зерен в умовах безпосередньої селекційної роботи.

*Мета досліджень* – виявити селекційно-генетичні особливості ячменю ярого за масою 1000 зерен та виділити генетичні джерела для селекції в умовах центральної частини Лісостепу України.

### Матеріали та методика досліджень

Дослідження проводили в Миронівському інституті пшениці імені В. М. Ремесла НААН. Виконано дві повні (6 × 6) діалельні схеми схрещувань. До першої залучили сучасні вітчизняні ('МПП Титул', 'Авгур') та закордонні ('Datcha', 'Quench', 'Gladys', 'Beatrix') сорти ячменю ярого пивоварного напрямку. Друга схема включала безості сорти, створені в Інституті рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН ('Козир', 'Вітраж'), голозерні сорти з Канади ('Condor', 'CDC Rattan'), а також зернофуражний плівчастий остистий сорт 'МПП Мирослав' та низькорослий високопродуктивний сорт пивоварного використання 'Sebastian'.

Рослини батьківських компонентів та  $F_1$  вирощували в польових умовах у триразовій повторності. Масу 1000 зерен визначали з кожного повторення.

Для виявлення особливостей успадкування маси 1000 зерен, параметрів генетичної варіації та комбінаційної здатності, а також їхньої мінливості у різних генотипів за контрастних погодних умов проведено статистичний аналіз отриманих експериментальних даних у 2019 і 2020 рр. Зазначені роки досліджень суттєво різнилися значеннями показників гідротермічного режиму за вегетаційний період ячменю ярого. Найхарактернішою різницею, що вплинула на формування маси 1000 зерен, слід відзначити суттєво нижчу температуру повітря в травні 2020 р. (12,8 °C), порівняно з 2019-м (17,3 °C), а також середніми багаторічними значеннями (16,2 °C). У цьому місяці у 2020 р. кількість опадів (91,6 мм) значно перевищила як значення 2019 р. (50,9 мм), так і середній багаторічний показник (56,4 мм). Водночас середньомісячна температура червня перевищувала середнє багаторічне значення (19,5 °C) як у 2019-му (22,6 °C), так і у 2020 р. (21,7 °C). Слід зазначити, що кількість опадів у цьому місяці у 2019 р. (86,8 мм) навпаки була в межах багаторічних значень (82,7 мм), а у 2020 р. відчутно меншою (57,1 мм).

Ступінь фенотипового домінування в  $F_1$  оцінювали згідно з G. M. Beil, R. E. Atkins [26]. Гетерозисний ефект в  $F_1$  визначали порівняно з ліпшим батьківським компонентом (справжній гетерозис). Комбінаційну здатність і генетичні параметри визначали відповідно до посібника [27]. Для розрахунків використали комп'ютерні програми Microsoft Excel 2010 та Statistica 12.

### Результати досліджень

Таблиці 1 і 2 відображають середнє значення маси 1000 зерен залучених до схрещувань сортів (P) та всіх гібридів ( $F_1$ ) з їхньою участю. Вищий рівень прояву ознаки мали генотипи у 2019 р., порівняно з 2020-м, в обох схемах схрещувань. У схемі I максимальний рівень прояву маси 1000 зерен за два роки був у сорту 'Datcha', у схемі II – у 'Козир'. Голозерні сорти 'Condor' і 'CDC Rattan' суттєво поступалися плівчастим за масою 1000 зерен.

На рисунку 1 представлено розподіл гібридних комбінацій відповідно до градацій величини показника ступеня фенотипового домінування. Для більшості характерним було позитивне наддомінування. Його частка збільшувалась у 2020 р., порівняно з 2019-м, у першій схемі схрещувань від 47 до

Таблиця 1

Рівень прояву маси 1000 зерен у компонентів схрещування та F<sub>1</sub> з їхньою участю (схема I)

Сорт	2019 р.		2020 р.		Середнє	
	P	F <sub>1</sub>	P	F <sub>1</sub>	P	F <sub>1</sub>
'МІП Титул'	43,43	51,71	46,67	51,18	45,05	51,45
'Beatrix'	52,77	52,97	51,13	52,57	51,95	52,77
'Datcha'	55,57	53,98	51,80	52,21	53,69	53,10
'Quench'	49,40	52,80	48,40	50,78	48,90	51,79
'Gladys'	52,80	54,42	50,27	52,49	51,54	53,46
'Авгур'	49,67	53,80	50,13	51,02	49,90	52,41
Середнє	50,61	53,28	49,73	51,71	50,17	52,49
R(Max – Min)	12,14	2,71	5,13	1,79	8,64	2,01
HIP <sub>0,05</sub>	1,60	1,42	0,73	0,82	1,20	1,15

**Примітка.** Тут і в таблиці 2: P – рівень прояву ознаки в батьківського компонента; F<sub>1</sub> – середнє значення рівня прояву ознаки всіх гібридів з участю відповідного батьківського компонента; R(Max – Min) – розмах варіювання між максимальним та мінімальним значенням ознаки в таблиці для батьківських компонентів та середніх значень F<sub>1</sub> з їхньою участю.

Таблиця 2

Рівень прояву маси 1000 зерен у компонентів схрещування та F<sub>1</sub> з їхньою участю (схема II)

Сорт	2019 р.		2020 р.		Середнє	
	P	F <sub>1</sub>	P	F <sub>1</sub>	P	F <sub>1</sub>
'Козир'	55,20	53,47	48,47	50,17	51,84	51,82
'Condor'	45,60	48,60	37,60	47,39	41,60	48,00
'Вітраж'	53,93	51,85	46,80	48,29	50,37	50,07
'Sebastian'	49,80	51,43	41,60	47,10	45,70	49,27
'МІП Мирослав'	49,33	51,34	45,47	48,85	47,40	50,10
'CDC Rattan'	36,80	45,64	35,60	45,91	36,20	45,78
Середнє	48,44	50,39	42,59	47,95	45,52	49,17
R(Max – Min)	18,40	7,83	12,87	4,26	15,64	6,05
HIP <sub>0,05</sub>	0,92	0,95	0,74	0,81	0,85	0,90

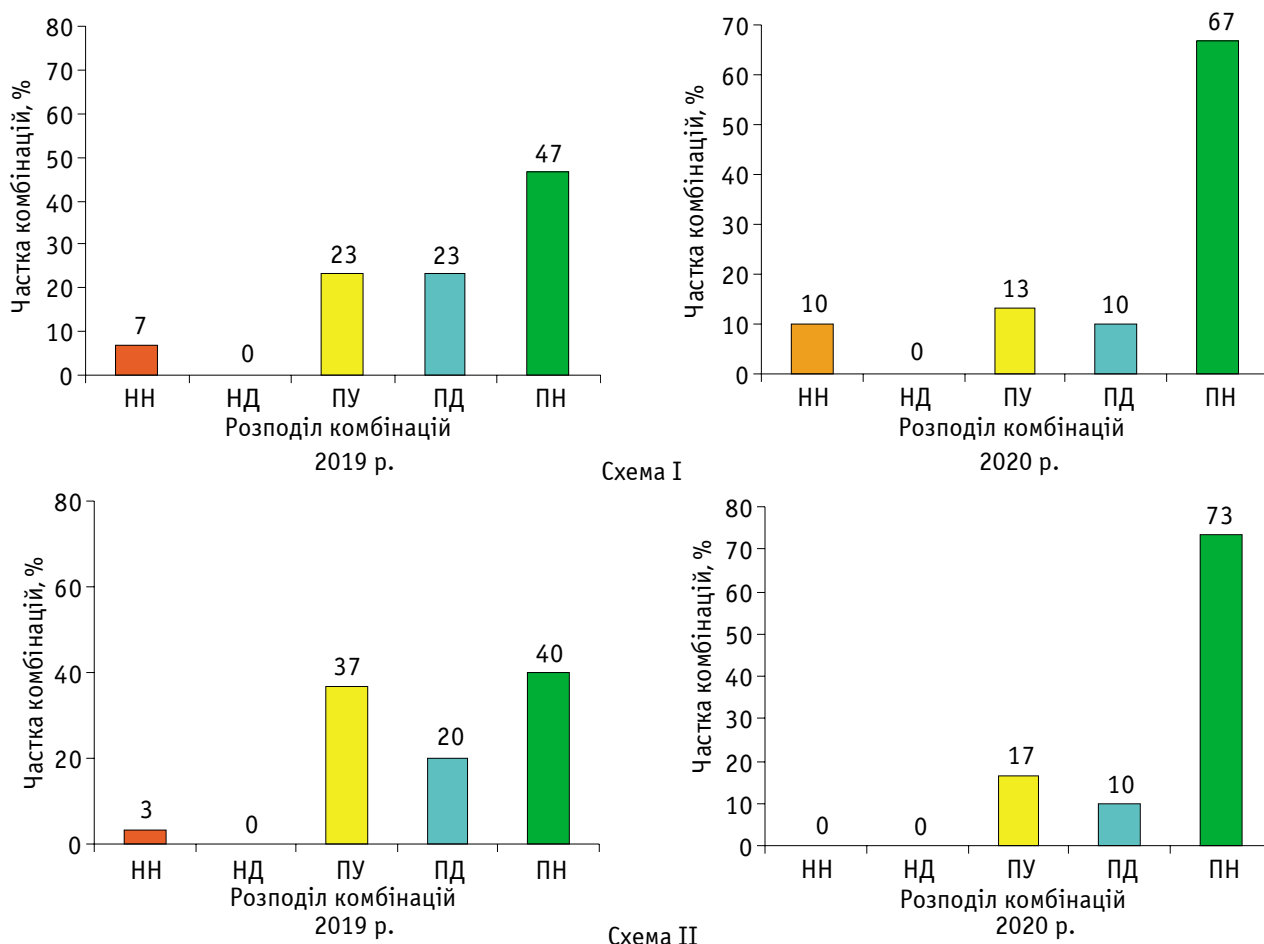
67%, у другій – від 40 до 73%. В останній, у 2019 р. досить високу частку (37%) становило проміжне успадкування. Слід зазначити, що в жодному з варіантів не виявлено негативного домінування. У першій схемі негативне наддомінування у 2019 р. виявлено у 7% комбінацій, у 2020-му – 10%. У схемі II гібридна депресія мала менший прояв і відзначена лише у 2019 р. у 3% комбінацій. У схемі I проміжне успадкування варіювало за роками від 23 до 13%, а позитивне домінування від 23 до 10%. Для другої схеми характерним було зменшення проміжного успадкування у 2020 р., порівняно з 2019-м, з 37 до 17%, а також позитивного домінування – з 20 до 10%.

Слід зазначити, що відзначено зміну характеру успадкування ознаки в одних і тих же комбінацій у різні роки. Як приклад, у першій схемі схрещувань ступінь фенотипового домінування у реципрокних схрещуваннях сортів 'Quench' і 'Авгур' варіював від позитивного наддомінування у 2019 р. ( $h_p = 32,68$ ;  $h_p = 30,24$ ) до негативного наддоміну-

вання у 2020-му ( $h_p = -1,23$ ;  $h_p = -1,43$ ). У другій схемі схрещувань у комбінації 'Sebastian' / 'Вітраж' показник фенотипового домінування навпаки змінювався від депресії у 2019 р. ( $h_p = -1,47$ ) до позитивного наддомінування у 2020-му ( $h_p = 1,54$ ) (табличні дані не наведено). Водночас в обох схемах схрещувань виділено комбінації з проявом позитивного наддомінування в обидва роки. Їхню характеристику за ступенем фенотипового домінування та істинного гетерозису наведено в таблиці 3.

Найбільшу кількість (по сім) комбінацій із проявом гетерозису за різних умов вирощування відзначено в разі залучення до схрещувань сортів 'Gladys' і 'МІП Мирослав'.

В обох схемах схрещувань у 2019 р. перевагу мали адитивні ефекти генів (D), а у 2020-му – ефекти домінування (H<sub>1</sub> і H<sub>2</sub>) (табл. 4). Відповідно до цього показник  $\sqrt{H_1/D}$  вказував на неповне домінування в локусах у 2019 р. та наддомінування у 2020-му. Параметри відносної частоти розподілу (F) та відношення загальної кількості домінантних і реце-



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

**Рис. 1.** Розподіл комбінацій схрещування за ступенем фенотипового домінування маси 1000 зерен в F<sub>1</sub>

Таблиця 3

**Ступінь фенотипового домінування та істинного гетерозису в F<sub>1</sub> ячменю ярого за масою 1000 зерен**

Комбінація схрещування	2019 р.		2020 р.	
	hp	Г <sub>icr</sub> %	hp	Г <sub>icr</sub> %
Схема I				
'МІП Титул' / 'Quench'	1,89	5,40	2,92	3,44
'МІП Титул' / 'Gladys'	1,08	0,69	1,61	2,19
'МІП Титул' / 'Авгур'	1,45	2,81	1,33	1,13
'Beatrix' / 'Gladys'	373,00	11,74	4,23	2,74
'Quench' / 'МІП Титул'	1,72	4,35	2,81	3,24
'Gladys' / 'Beatrix'	117,00	3,66	1,32	0,27
'Gladys' / 'Datcha'	1,45	1,13	4,57	5,28
'Gladys' / 'Quench'	1,20	0,63	3,70	5,03
'Gladys' / 'Авгур'	1,96	2,84	48,57	6,62
'Авгур' / 'Gladys'	1,81	2,40	26,67	3,57
Схема II				
'Козир' / 'Вітраж'	1,53	0,60	3,80	4,81
'Козир' / 'МІП Мирослав'	1,09	0,48	5,60	14,24
'Condor' / 'МІП Мирослав'	1,29	1,08	1,75	6,45
'Вітраж' / 'Козир'	2,84	2,11	3,56	4,40
'Вітраж' / 'Sebastian'	1,10	0,37	3,50	13,89
'Вітраж' / 'МІП Мирослав'	1,52	2,22	5,50	6,41
'МІП Мирослав' / 'Козир'	1,11	0,60	3,18	6,74
'МІП Мирослав' / 'Вітраж'	1,52	2,22	6,10	7,26
'МІП Мирослав' / 'Sebastian'	18,71	8,30	2,86	7,91
'МІП Мирослав' / 'CDC Rattan'	1,30	3,79	1,57	6,15

Таблиця 4

Параметри генетичної варіації за масою 1000 зерен в  $F_1$  ячменю ярого

Параметри генетичної варіації	Схема I		Схема II	
	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.
D	17,69	3,55	44,31	27,09
$H_1$	15,44	9,21	11,89	46,23
$H_2$	12,33	8,24	11,01	43,59
F	12,52	1,15	-1,94	12,83
$\sqrt{H_1/D}$	0,93	1,61	0,52	1,31
$(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$	2,22	1,22	0,92	1,44
$H_2/4H_1$	0,20	0,22	0,23	0,24
$r[(W_r + V_r)_i; x_i]$	-0,67 ± 0,37	-0,81 ± 0,29	-0,30 ± 0,48	-0,83 ± 0,28
$F_1 - P$	2,67	1,98	1,94	5,36

**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 і рецесивних алелів;  $H_2/4H_1$  – середнє значення алелів у локусах;  $r[(W_r + V_r)_i; x_i]$  – показник спрямованості домінування;  $F_1 - P$  – показник напрямку домінування.

сивних алелів  $[(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)]$  вказують на переважання (прояв) у схемі I в обидва роки домінантних ефектів. У схемі II у 2019 р. переважали рецесивні ефекти, а у 2020-му – домінантні. Для всіх варіантів дослідження виявлено нерівномірний розподіл домінантних і рецесивних ефектів ( $H_2/4H_1 \neq 0,25$ ). Проте для генотипів схеми I асиметрія була більш вираженою.

Коефіцієнт кореляції суми коваріанс і варіанс та середнього значення ознаки  $r[(W_r + V_r)_i; x_i]$  в усіх випадках мав від'ємне значення, що характеризує спрямованість домінування на збільшення ознаки та його зумовленість домінантними ефектами. На домінування в бік збільшення ознаки також вказує значення  $F_1 - P$ . Однак, у другій схемі схрещувань у 2019 р. значення показника спрямованості домінування було статистично недостовірним.

Графічний аналіз регресії коваріанси (Wr) на варіансу (Vr) між середнім значенням батьківських компонентів і гібридів підтверджує та доповнює інформацію генетичних компонентів щодо наддомінування у 2019 р. та неповного домінування у 2020-му (рис. 2).

У першому випадку в обох схемах схрещувань лінія регресії перетинала вісь Wr нижче нульової позначки, а у 2020 р. – на додатній частині шкали. Графіки дають змогу окомірно характеризувати батьківські компоненти за відносним співвідношенням домінантних і рецесивних генів. Зокрема, у першій схемі схрещувань в умовах обох років у рецесивній зоні розміщувався сорт 'МПП Титул', у домінантній – 'Gladys' і 'Datcha'. Значною мінливістю відносно лінії

регресії характеризувався сорт 'Beatrix'. У другій схемі схрещувань у домінантній зоні стабільно знаходився сорт 'Sebastian', у рецесивній – 'Condor'.

Коефіцієнт регресії в першій схемі у 2019 р. становив  $b = 0,74$ , у 2020-му –  $b = 0,81$ . У другій схемі його значення становили  $b = 1,12$  і  $0,72$  відповідно. Отже, можемо зазначити, що в обох схемах схрещування в обидва роки маса 1000 зерен визначалась переважно адитивно-домінантною системою.

Характеристику залучених до схрещувань генотипів за ефектами загальної комбінаційної здатності (ЗКЗ), варіансами ЗКЗ і специфічної комбінаційної здатності (СКЗ) наведено в таблицях 5 і 6. Цінність для комбінаційної селекції мають генотипи з високими значеннями ЗКЗ за різних умов вирощування. У першій схемі достовірно високі ефекти ЗКЗ в обидва роки відзначено для сортів 'Datcha' і 'Gladys', достовірно низькі – у 'МПП Титул' і 'Quench'. Варіювали від достовірно високих до низьких значень за роками ефекти ЗКЗ в сортів 'Beatrix' і 'Авгур'. У схемі II високими ефектами ЗКЗ характеризувалися сорти 'Козир', 'Вітраж' і 'МПП Мирослав'. Достовірно низьку ЗКЗ мали 'Condor' і 'CDC Rattan'. Зміною ефектів від позитивних до негативних у різні роки вирізнявся сорт 'Sebastian'. У першій схемі в сортів 'МПП Титул' та 'Gladys' в обидва роки варіанса ЗКЗ переважала над варіансою СКЗ. Більші значення варіанс СКЗ, ніж ЗКЗ, як у 2019-му, так і у 2020 р., відзначено для сортів 'Quench' і 'Авгур'. Зміну співвідношень варіанс за роками виявлено в сортів 'Beatrix' і 'Datcha'.

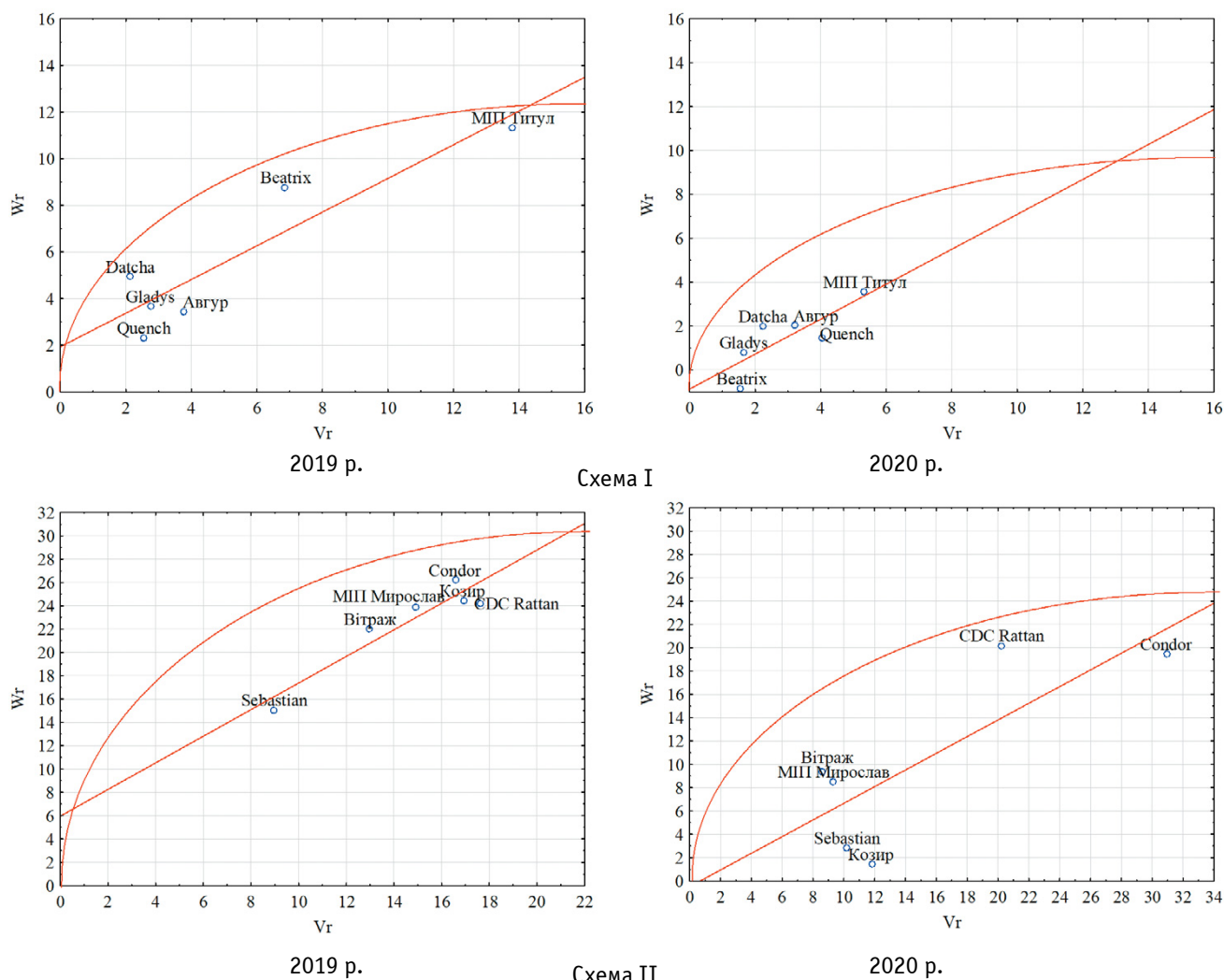


Рис. 2. Графіки регресії  $W_r / V_r$  для маси 1000 зерен в  $F_1$  ячменю ярого

Таблиця 5  
Ефекти загальної, варіанси загальної та специфічної комбінаційної здатності в  $F_1$  ячменю ярого за масою 1000 зерен (схема I)

Сорт	Ефекти ЗКЗ		Варіанса ЗКЗ		Варіанса СКЗ	
	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.
'МІП Титул'	-1,96	-0,66	3,82	0,42	1,45	1,08
'Beatrix'	-0,39	1,08	0,13	1,15	4,31	2,73
'Datcha'	0,87	0,62	0,75	0,37	0,00	0,80
'Quench'	-0,60	-1,16	0,35	1,33	0,68	1,31
'Gladys'	1,42	0,98	2,01	0,95	2,32	1,71
'Авгур'	0,65	-0,87	0,41	0,73	0,62	1,37
$HIP_{0,05} (g_i)$	0,24	0,24	-	-	-	-
$HIP_{0,05} (g_i - g_j)$	0,37	0,38	-	-	-	-

У другій схемі лише в сорту 'CDC Rattan' в обидва роки відзначено переважання варіанси ЗКЗ над СКЗ. У решти генотипів співвідношення ЗКЗ і СКЗ змінювалось у різні роки.

Виявлено відчутно сильнішу мінливість констант СКЗ порівняно з ефектами ЗКЗ в різні роки досліджень. Достовірно високі константи СКЗ в обидва роки відзначено у комбінації 'Авгур' / 'Datcha' (табл. 7). Варіювання від достовірно високих до середніх по-

зитивних значень СКЗ за роками відзначено для комбінацій 'Quench' / 'МІП Титул', 'Авгур' / 'МІП Титул'. У комбінації 'Datcha' / 'Beatrix' значення СКЗ в обидва роки було позитивним, але не достовірним, тобто мало середній рівень. Для решти ж комбінацій відзначено або варіювання від достовірно високих значень в одному році до достовірно низьких у другому, або низький рівень в обидва роки.

Таблиця 6

Ефекти загальної, варіанси загальної та специфічної комбінаційної здатності в  $F_1$  ячменю ярого за масою 1000 зерен (схема II)

Сорт	Ефекти ЗКЗ		Варіанса ЗКЗ		Варіанса СКЗ	
	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.	2019 р.	2020 р.
'Козир'	3,85	2,78	14,81	7,71	2,70	9,29
'Condor'	-2,24	-0,71	4,98	0,49	1,40	10,42
'Вітраж'	1,83	0,42	3,32	0,17	1,69	7,42
'Sebastian'	1,31	-1,07	1,69	1,14	3,33	10,46
'МІП Мирослав'	1,19	1,12	1,39	1,26	1,20	2,37
'CDC Rattan'	-5,94	-2,55	35,22	6,48	3,56	0,92
$HIP_{0,05}(g_i)$	0,27	0,14	-	-	-	-
$HIP_{0,05}(g_i - g_j)$	0,42	0,21	-	-	-	-

Таблиця 7

Константи специфічної комбінаційної здатності в  $F_1$  ячменю ярого за масою 1000 зерен (схема I)

Сорт	Рік	Сорт				
		'МІП Титул'	'Beatrix'	'Datcha'	'Quench'	'Gladys'
'Beatrix'	2019	-2,05	-	-	-	-
	2020	1,65	-	-	-	-
'Datcha'	2019	-0,14	0,25	-	-	-
	2020	-1,11	0,27	-	-	-
'Quench'	2019	1,09	-0,14	-0,17	-	-
	2020	0,13	0,86	-0,79	-	-
'Gladys'	2019	0,24	2,55	-0,34	-1,28	-
	2020	-0,87	-1,87	0,35	1,37	-
'Авгур'	2019	0,87	-0,61	0,40	0,51	-1,17
	2020	0,20	-0,91	1,27	-1,57	1,01

Примітка.  $HIP_{0,05}$ : 2019 р. – 0,39; 2020 р. – 0,41.

Таблиця 8

Константи специфічної комбінаційної здатності в  $F_1$  ячменю ярого за масою 1000 зерен (схема II)

Сорт	Рік	Сорт				
		'Козир'	'Condor'	'Вітраж'	'Sebastian'	'МІП Мирослав'
'Condor'	2019	1,73	-	-	-	-
	2020	3,86	-	-	-	-
'Вітраж'	2019	-0,11	0,37	-	-	-
	2020	-0,45	-4,13	-	-	-
'Sebastian'	2019	1,01	-0,66	-2,03	-	-
	2020	-4,33	2,52	3,45	-	-
'МІП Мирослав'	2019	0,07	-1,11	1,73	-1,01	-
	2020	1,70	-0,95	0,51	-2,17	-
'CDC Rattan'	2019	-2,70	-0,35	0,04	2,69	0,31
	2020	-0,78	-1,30	0,63	0,53	0,92

Примітка.  $HIP_{0,05}$ : 2019 р. – 0,46; 2020 р. – 0,24.

У другій схемі схрещувань стабільно високими були значення констант СКЗ в комбінаціях 'Condor' / 'Козир', 'МІП Мирослав' / 'Вітраж', 'CDC Rattan' / 'Sebastian' (табл. 8). Мінливість від високого до середнього рівня СКЗ за роками відзначено для комбінацій 'МІП Мирослав' / 'Козир', 'CDC Rattan' / 'Вітраж', 'CDC Rattan' / 'МІП Мирослав'.

Отже, результати всебічного дослідження  $F_1$  ячменю ярого за ступенем фенотипового домінування й гетерозису, а також ЗКЗ і СКЗ вказують, що максимального поліпшен-

ня маси 1000 зерен можна очікувати в разі залучення до схрещувань остистих сортів 'Gladys', 'МІП Мирослав' і 'Datcha', безостих – 'Козир' і 'Вітраж'.

### Висновки

Виявлені в умовах центральної частини Лісостепу України селекційно-генетичні особливості генотипів ячменю, які належать до плівчастих і голозерних, остистих та безостих різновидностей, дають змогу оптимально комбінувати батьківські ком-

поненти схрещувань та планувати проведення цілеспрямованого добору на збільшення маси 1000 зерен у створених гібридних популяціях.

Відповідно до показників ступеня фенотипового домінування й гетерозису, параметрів генетичної варіації, графічного регресійного аналізу, ефектів ЗКЗ і констант СКЗ, співвідношення їхніх варіанс, у переважній більшості створених гібридних комбінацій необхідним буде остаточний добір за масою 1000 зерен у пізніших поколіннях, коли домінуючі алелі перейдуть у гомозиготний стан.

Ефективними генетичними джерелами для залучення до схрещувань, спрямованих на підвищення маси 1000 зерен, можуть бути остисті сорти 'Gladys', 'МІП Мирослав' і 'Datcha', а також безості – 'Козир' і 'Вітраж'.

### Використана література

- Лінчевський А. А. Ячмінь – джерело здорового способу життя сучасної людини. *Вісн. аграр. науки*. 2017. № 12. С. 14–21. doi: 10.31073/agrovisnyk201712-03
- 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.
- Лінчевський А. А. 95 років селекції ячменю в селекційно-генетичному інституті. *Зб. наук. праць СГІ – НЦНС*. 2012. Вип. 20. С. 66–83.
- Поліщук С. С. Методологія і результати селекції ячменю харчового призначення. *Зб. наук. праць СГІ – НЦНС*. 2014. Вип. 23. С. 100–120.
- Гудзенко В. М., Васильківський С. П., Демидов О. А. та ін. Селекція ячменю ярого на підвищення продуктивного та адаптивного потенціалу. *Селекція і насінництво*. 2017. Вип. 111. С. 51–61. doi: 10.30835/2413-7510.2017.104887
- 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. Art. ID 170073. doi: 10.3835/plantgenome2017.08.0073
- 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 Barley Res.* 2018. Vol. 10, Iss. 3. P. 179–184. doi: 10.25174/2249-4065/2018/83148
- Rodrigues O., Minella E., Costenaro E. R. Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agric. Sci.* 2020. Vol. 11, Iss. 4. P. 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
- Sun G., Ren X., Du B. et al. Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. *Front. Plant Sci.* 2019. Vol. 10. Art. ID 469. doi: 10.3389/fpls.2019.00469
- Wang J., Wu X., Yue W. et al. Identification of QTL for barley grain size. *PeerJ*. 2021. Vol. 9. Art. ID e11287. doi: 10.7717/peerj.11287
- Tsige T., Shiferaw T., Gezahegn S., Taye K. Assessment of malt barley genotypes for grain yield and malting quality traits in the central highlands of Ethiopia. *J. Biol. Agric. Health.* 2020. Vol. 10, Iss. 20. doi: 10.7176/JBAH/10-20-01
- Важенина О. Є., Васько Н. І., Солонечний П. М., Солонечна О. В. Мінливість природи та маси 1000 зерен пивоварних сортів ячменю в залежності від генотипу та погодних умов. *Селекція і насінництво*. 2020. Вип. 117. С. 16–25. doi: 10.30835/2413-7510.2020.206935
- 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.
- Potla K. R., Bornare S. S., Prasad L. C. et al. Study of heterosis and combining ability for yield and yield contributing traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Bioscan*. 2013. Vol. 8, Iss. 4. P. 1231–1235.
- Zhang X., Lv L., Lv Ch. et al. Combining ability of different agronomic traits and yield components in hybrid barley. *PLoS ONE*. 2015. Vol. 10, Iss. 6. e0126828. doi: 10.1371/journal.pone.0126828
- Patil M., Pal D., Kumar J. Combining ability and gene action studies for grain yield and its component traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *SABRAO J. Breed. Gen.* 2016. Vol. 48, Iss. 1. P. 90–96.
- Singh S., Prasad L. C., Madhukar K. et al. Heterosis and combining ability of indigenous and exotic crosses of barley. *Plant Arch.* 2017. Vol. 17, Iss. 2. P. 813–820.
- Jalata Z., Mekbib F., Lakew B., Ahmed S. Gene action and combining ability test for some agro-morphological traits in barley. *J. Appl. Sci.* 2019. Vol. 19, Iss. 2. P. 88–95. doi: 10.3923/jas.2019.88.96
- Kumari A., Vishwakarma S. R., Singh Y. Evaluation of combining ability and gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.) using Line × Tester analysis. *Electron. J. Plant Breed.* 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
- 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
- Sharma Y., Sharma S. N. Effect of sowing dates on genetic components in six-rowed barley. *Acta Agron. Hung.* 2008. Vol. 56, Iss. 3. P. 349–356. doi: 10.1556/AAgr.56.2008.3.11
- Вашченко В. В. Изменчивость и генетический контроль массы 1000 зерен у ярового ячменя. *Селекція і насінництво*. 2010. Вип. 98. С. 78–85. doi: 10.30835/2413-7510.2010.70227
- Shendy M. Z. Gene action and path coefficient studies for yield and yield components of some barley crosses. *Egypt. J. Plant Breed.* 2015. Vol. 19, Iss. 4. P. 1155–1166. doi: 10.12816/0031662
- Васильківський С. П., Демидов О. А., Гудзенко В. М., Поліщук Т. П. Генетичний контроль маси 1000 зерен у сучасних сортах ячменю ярого. *Вісн. аграр. науки*. 2017. № 10. С. 37–43. doi: 10.31073/agrovisnyk201710-08
- Beil G. M., Atkins R. E. Inheritance of quantitative characters in grain Sorghum. *Iowa State J. Sci.* 1965. Vol. 39, Iss. 3. P. 139–158.
- Федин М. А., Силис Д. Я., Смирязев А. В. Статистические методы генетического анализа. Москва: Колос, 1980. 207 с.

### References

- Linchevskiy, A. A. (2017). Barley is the source of healthy lifestyle for modern men. *Visn. agrar. nauki* [Bull. Agric. Sci.], 12, 14–21. doi: 10.31073/agrovisnyk201712-03 [in Ukrainian]
- Kozachenko, M. R., Vasko, N. I., Naumov, O. H., Ivanova, N. V., Markova, T. Yu., Sheliakina, T. A., & Matviets, V. H. (2011). Efficiency awnless barley breeding. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 100, 37–45. [in Ukrainian]
- Linchevskiy, A. A. (2012). 95 years of barley breeding in plant breeding and genetics institute. *Zbirnik naukovih prac' SGI – NCNS* [Collected Scientific Articles of PBGI – NCSCI], 20, 66–83. [in Ukrainian]
- Polischuk, S. S. (2014). Methodology and results of food barley breeding. *Zbirnik naukovih prac' SGI – NCNS* [Collected Scientific Articles of PBGI – NCSCI], 23, 100–120. [in Ukrainian]
- Hudzenko, V. M., Vasylykivskiy, S. P., Demydov, O. A., Polischuk, T. P., & Babii, O. O. (2017). Spring barley breeding for increase in productive and adaptive capacities. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 111, 51–61. doi: 10.30835/2413-7510.2017.104887 [in Ukrainian]



6. 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
7. 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 Barley Res.*, 10(3), 179–184. doi: 10.25174/2249-4065/2018/83148
8. Rodrigues, O., Minella, E., & Costenaro, E. R. (2020). Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agric. Sci.*, 11(4), 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
9. Sun, G., Ren, X., Du, B., Cheng, Y., Wang, Y., Li, C., & Sun, D. (2019). Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. *Front. Plant Sci.*, 10, 469. doi: 10.3389/fpls.2019.00469
10. Wang, J., Wu, X., Yue, W., Zhao, C., Yang, J., & Zhou, M. (2021). Identification of QTL for barley grain size. *PeerJ*, 9, e11287. doi: 10.7717/peerj.11287
11. Tsigie, T., Shiferaw, T., Gezahegn, S., & Taye, K. (2020). Assessment of malt barley genotypes for grain yield and malting quality traits in the central highlands of Ethiopia. *J. Biol. Agric. Health.*, 10(20). doi: 10.7176/JBAH/10-20-01
12. Vazhenina, O. E., Vasko, N. I., Solonechnyi, P. M., & Solonechna, O. V. (2020). Variability of the test weight and 1000-kernel weight of brewing barley cultivars depending on the genotype and weather conditions. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 117, 16–25. doi: 10.30835/2413-7510.2020.206935. [in Ukrainian]
13. 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
14. Potla, K. R., Bornare, S. S., Prasad, L. C., Prasad, R., & Madakemohekar, A. H. (2013). Study of heterosis and combining ability for yield and yield contributing traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Bioscan*, 8(4), 1231–1235.
15. Zhang, X., Lv, L., Lv, Ch., Guo, B., & Xu, R. (2015). Combining ability of different agronomic traits and yield components in hybrid barley. *PLoS ONE*, 10(6), e0126828. doi: 10.1371/journal.pone.0126828
16. Patial, M., Pal, D., & Kumar, J. (2016). Combining ability and gene action studies for grain yield and its component traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *SABRAO J. Breed. Gen.*, 48(1), 90–96.
17. Singh, S., Prasad, L. C., Madhukar, K., Chandra, K., & Prasad, R. (2017). Heterosis and combining ability of indigenous and exotic crosses of barley. *Plant Arch.*, 17(2), 813–820.
18. Jalata, Z., Mekbib, F., Lakew, B., & Ahmed, S. (2019). Gene action and combining ability test for some agro-morphological traits in barley. *J. Appl. Sci.*, 19(2), 88–95. doi: 10.3923/jas.2019.88.96
19. Kumari, A., Vishwakarma, S. R., & Singh, Y. (2020). Evaluation of combining ability and gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.) using Line × Tester analysis. *Electron. J. Plant Breed.*, 11(1), 97–102. doi: 10.37992/2020.1101.017
20. 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. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 119, 106–116. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237026
21. Vashchenko, V. V., & Shevchenko, A. A. (2021). Variability and genetic control of the “seedlings-earring” interphase period in spring barley under water deficit. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 119, 94–105. doi: 10.30835/2413-7510.2021.237022
22. Sharma, Y., & Sharma, S. N. (2008). Effect of sowing dates on genetic components in six-rowed barley. *Acta Agron. Hung.*, 56(3), 349–356. doi: 10.1556/AAgr.56.2008.3.11
23. Vaschenko, V. V. (2010). Variability and genetic control of 1000 grain weight in spring barley. *Selekcija i nasinnictvo* [Plant Breeding and Seed Production], 98, 78–85. doi: 10.30835/2413-7510.2010.70227 [in Russian]
24. Shendy, M. Z. (2015). Gene action and path coefficient studies for yield and yield components of some barley crosses. *Egypt. J. Plant Breed.*, 19(4), 1155–1166. doi: 10.12816/0031662
25. Vasylykivskiy, S. P., Demydov, O. A., Hudzenko, V. M., & Polishchuk, T. P. (2017). Genetic weight control of 1000 grains at modern grades of spring barley. *Visn. agrar. nauki* [Bull. Agric. Sci.], 10, 37–43. doi: 10.31073/agrovvisnyk201710-08. [in Ukrainian]
26. Beil, G. M., & Atkins, R. E. (1965). Inheritance of quantitative characters in grain Sorghum. *Jowa State J. Sci.*, 39(3), 139–158.
27. Fedin, M. A., Silis, D. Ya., & Smiryaev, A. V. (1980). *Statisticheskie metody geneticheskogo analiza* [Statistical methods of genetic analysis]. Moscow: Kolos. [in Russian]

UDC 633.16:631.523.11

**Hudzenko, V. M.<sup>1\*</sup>, Polishchuk, T. P.<sup>1</sup>, Lysenko, A. A.<sup>1</sup>, Khudolii, L. V.<sup>2</sup>, & Babenko, A. I.<sup>3</sup>** (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. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.17.3.2021.242982>

<sup>1</sup>The V. M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat, NAAS of Ukraine, Tsentralne village, Obukhiv district, Kyiv region, 08853, Ukraine, \*e-mail: barley22@ukr.net

<sup>2</sup>Ukrainian Institute for Plant Variety Examination, 15 Henerala Rodymtseva St., Kyiv, 03041, Ukraine

<sup>3</sup>National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, 12 Heroyiv Oborony St., Kyiv, 03041, Ukraine

**Purpose.** To reveal the breeding and genetic peculiarities for spring barley 1000 kernel weight and to identify genetic sources for breeding under conditions of the central part of the Forest-Steppe of Ukraine. **Methods.** Investigations were carried out at the V. M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat of the NAAS of Ukraine. Spring barley F<sub>1</sub> of two complete (6 × 6) diallel crossing schemes was investigated. The first scheme included modern both domestic and foreign spring barley malting varieties ('MIP Tytul', 'Avhur', 'Datcha', 'Quench', 'Gladys', 'Beatrix'), the second – classic covered awned ('MIP Myroslav', 'Sebastian'), awnless ('Kozyr', 'Vitarzh') and naked ('Condor', 'CDC Rattan') varieties. **Results.** Various types of inheritance of 1000 kernel weight were re-

vealed, with the exception of negative dominance. The proportion of combinations with corresponding values of the degree of phenotypic dominance varied depending on the genotypes involved in the crossing and the years of testing. In both crossing schemes, both in 2019 and in 2020, positive overdominance was found in most combinations. The greatest number of combinations with the manifestation of heterosis under different growing conditions was noted when varieties 'Gladys' and 'MIP Myroslav' were used in crossing. According to the parameters of genetic variation, it was revealed that the trait was determined mainly by the additive-dominant system. The dominance was aimed at increasing the 1000 kernel weight. Only in the second crossing scheme

in 2019 the value of the directional dominance indicator was unreliable. In the loci, incomplete dominance in 2019 and over-dominance in 2020 were revealed. Reliably high effects of the general combining ability in both years were noted for varieties 'Datcha', 'Gladys', 'MIP Myroslav', 'Kozyr' and 'Vitrazh'. **Conclusions.** The revealed breeding and genetic peculiarities indicate that for the overwhelming majority of created hybrid combinations will be required the final selection

in later generations, when the dominant alleles are homozygous. Spring barley awned varieties 'Gladys', 'MIP Myroslav' and 'Datcha', as well as awnless varieties 'Kozyr' and 'Vitrazh' can be used as effective genetic sources for increasing the 1000 kernel weight.

**Keywords:** *Hordeum vulgare L.*; 1000 kernel weight; degree of phenotypic dominance; parameter of genetic variation; combining ability.

Надійшла / Received 03.09.2021

Погоджено до друку / Accepted 22.09.2021