

# Рівень прояву та варіабельність кількості зерен у колосі ячменю ярого

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>, С. М. Мандровська<sup>4</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

<sup>4</sup>Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН України, вул. Клінічна, 25, м. Київ, 03080, Україна

**Мета.** Виявити особливості рівня прояву і варіабельність кількості зерен у колосі ячменю ярого та виділити нові генетичні джерела за поєднанням підвищеного та стабільного рівня прояву ознаки для селекції в умовах центральної частини Лісостепу України. **Методи.** Дослідження проведено у 2018–2020 рр. в умовах Миронівського інституту пшениці імені В. М. Ремесла НААН. Дослідили 96 колекційних зразків різних підвидів та груп різновидностей ячменю ярого походженням з 15 країн світу. Застосовували низку статистичних параметрів та графічних моделей. **Результати.** Дисперсійним аналізом АММІ моделі виявлено достовірно високі частки внеску у загальній фенотиповій варіації усіх її складових: умов року (33,8–40,2%), генотипу (35,2–48,9%) і взаємодії генотип–середовище (17,3–29,3%). За показниками гомеостатичності ( $Hom_i$ ) і селекційної цінності ( $Sc_i$ ) та візуалізаціями GGE biplot диференційовано зразки відповідно до рівня прояву і варіабельності ознаки та виокремлено нові генетичні джерела для селекції. Коефіцієнт фенотипової варіації варіював від низького у дворядних плівчастих зразків (PCV = 9,60%) до наближеного до високого у голозерних (PCV = 18,9%). Високе значення коефіцієнту генотипової варіації виявлено у голозерних (GCV = 10,95%) та шестирядних зразків (GCV = 13,28%). Коефіцієнт успадкованості ознаки мав значення від високого ( $H^2 = 79,4\%$ ) у дворядних зразків до наближеного до низького ( $H^2 = 33,7\%$ ) у шестирядних. Очікуване генетичне поліпшення становило від середнього у багаторядних зразків (GAM = 13,10%) до високого у голозерних (GAM = 23,51%). **Висновки.** Виділено колекційні зразки які поєднують підвищену озерненість та її відносну стабільність: дворядні плівчасті – ‘Тівер’ (UKR), ‘Almonte’ (CAN), ‘Despina’ (DEU), ‘Сымбат’ (KAZ), ‘Смарагд’ (UKR), ‘Новатор’ (UKR); дворядні голозерні – ‘CDC Candle’ (CAN) і ‘Millhouse’ (CAN), багаторядні плівчасті – ‘AC Westech’ (CAN) і ‘AC Alma’ (CAN). Перспективою подальших досліджень є залучення виділених зразків для створення нового вихідного матеріалу та встановлення особливостей успадкування кількості зерен у колосі, а також виявлення взаємозв’язків цієї ознаки з іншими структурними елементами врожайності.

**Ключові слова:** *Hordeum vulgare* L.; генотипова варіація; фенотипова варіація; успадкованість; гомеостатичність; селекційна цінність; АММІ; GGE biplot.

## Вступ

Ячмінь (*Hordeum vulgare* L.) – один з найперших окультурених людиною видів рослин, який і до цього часу залишається ключовим у світовому землеробстві для виробництва продукції яка використовується у різноманітних галузях промисловості [1–5]. Сучасні молекулярно-генетичні досліджен-

ня розширюють відомі та відкривають нові можливості щодо використання ячменю для задоволення різноманітних потреб людства [6–8].

На сьогодні за рахунок селекції досягнуто значного генетичного зрушення в напрямку підвищення потенціалу продуктивності та якісних показників зерна ячменю [9–11]. У свою чергу, загально визнаною аксіомою є факт того, що ефективна селекційна робота можлива лише за наявності у розпорядженні селекціонера достатньої кількості широкого генетичного різноманітного вихідного матеріалу. Одним з ключових аспектів цього безумовно є колекції сільськогосподарських культур, зосереджені у генетичних банках різних країн [12]. Тому залучення, оцінювання та використання нових колекційних зразків становить постійну актуальність в селекції для створення сортів з високим потенціалом продуктивності та іншими цінними господарськими ознаками [13–15].

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>

Svitlana Mandrovska

<https://orcid.org/0000-0002-7559-5892>

Урожайність – один з основних показників придатності сорту для комерційного використання. Це складна полігенна ознака яка формується за рахунок ознак нижчого рівня – структурних елементів [16–18]. Тому, для цілеспрямованого підвищення врожайності необхідно мати інформацію не лише про величину результуючої ознаки, але й особливості величини, варіабельності та взаємозв'язків її окремих складових [19–21]. У спрощеному вигляді врожайність можна охарактеризувати як добуток продуктивності індивідуальної рослини та їх кількості на одиницю площі посіву. Продуктивність рослини ячменю визначається кількістю продуктивних стебел, кількістю зерен у колосі та їх крупністю, вираженою через показник маси 1000 зерен [22–29]. Таким чином однією зі складових структури продуктивності рослини є кількість зерен у колосі.

Рід *Hordeum* L. має суттєві відмінності від інших представників триби *Triticeae* в архітектоніці колоса. Вони полягають у одноквітковості колосків. Тобто в одному колоску, як правило, формується лише одна зернівка. У той же час, залежно від фертильності колосків на одному виступі стрижня розрізняють дворядний та шестирядний підвиди ячменю [30–32]. Різні проміжні (інтермедіальні) та мутантні (хімерні) форми не поширені у виробництві, а слугують здебільшого лише для генетичних досліджень. Встановлено, що мутації пов'язані зі зміною кількості фертильних рядів у колосі впливають і на інші ознаки рослини [33]. Виявлено, що взаємодія між генами, які пов'язані з кількістю рядів у колосі ячменю може бути використана як новий шлях підвищення продуктивності колоса ячменю [34].

Урожайність, її елементи структури, і в тому числі кількість зерен у колосі, є кількісними ознаками, рівень прояву яких значною мірою залежить від впливу різноманітних чинників навколишнього середовища (забезпечення поживними речовинами, зволоження, сонячної інсоляції, тощо) [35–40]. Фенотипова експресія даних ознак, окрім генетичної складової, значною мірою регулюється цілою низкою гормонів та ферментів [41–44]. У той же час, для використання в селекції необхідно мати максимально можливу інформацію щодо генетично детермінованої частки в загальній фенотиповій мінливості ознак пов'язаних з продуктивністю. У зв'язку з цим у різних країнах світу постійно проводяться дослідження щодо оцінювання рівня прояву та стабільності, фенотипової і генотипової варіації та успадкованості

кількісних ознак ячменю [45–58]. Отримані дані суттєво різняться, що очевидно пов'язано із дослідженням різного генетичного матеріалу та контрастними екологічними умовами проведення досліджень, що власне і визначає актуальність проведення таких досліджень безпосередньо умовах селекційної роботи.

*Мета досліджень* – виявлення особливостей за рівнем прояву і варіабельністю кількості зерен у колосі ячменю ярого та виділення нових генетичних джерел за поєднанням підвищеного та стабільного рівня прояву ознаки для створення нового вихідного матеріалу в умовах центральної частини Лісостепу України.

### Матеріали та методика досліджень

Дослідження проведено в умовах Миронівського інституту пшениці імені В. М. Ремесла НААН (МІП) у 2018–2020 рр. Географічні координати: широта – 49°64', довгота – 31°08', висота над рівнем моря – 153 м. Ґрунт – чорнозем глибокий, малогумусний, слабо-вигугований. Глибина гумусового горизонту складає 38–40 см. Вміст гумусу 3,7–3,9%, лужногідролізованого азоту – 55–64 мг, фосфору – 205–238 мг, обмінного калію – 82–110 мг на 1 кг ґрунту, рН сольове – 5,1–6,6. Питома вага твердої фази ґрунту знаходиться в межах 2,62–2,71 г/см<sup>3</sup>. Об'ємна маса ґрунту за профілем не перевищує 1,29 г/см<sup>3</sup>, орного шару – 1,27 см<sup>3</sup>. Гранулометричний склад ґрунту сприяє його обробітці, водопроникності, сприятливим для вирощування ячменю повітряному та тепловому режимам.

Матеріалом для дослідження були 96 колекційних зразків ячменю ярого походженням з 15 країн (рис. 1). Зразки отримано з Національного центру генетичних ресурсів рослин України у рамках Програми наукових досліджень Національної академії аграрних наук «Генофонд рослин», відповідно до завдань другого рівня МІП (номера державної реєстрації 0116U004013 та 0119U100208).

Зразки належать до двох підвидів: шестирядного (різновидності *var. pallidum* і *var. rikotense*) і дворядного. Дворядний підвид представлений двома групами різновидностей – плівчастими (*var. nutans*, *var. deficiens*, *var. inerme*, *var. medicum*, *var. submedicum*) та голозерними (*var. nudum*, *var. nigrinudum*). Для виявлення особливостей прояву та варіабельності ознаки у зразків різних підвидів і груп різновидностей, а також дворядних плівчастих зразків різного походження їх було умовно розподілено на шість груп. Плівчасті дворядні зразки поділили на чотири групи: I – зразки походженням з України, II –

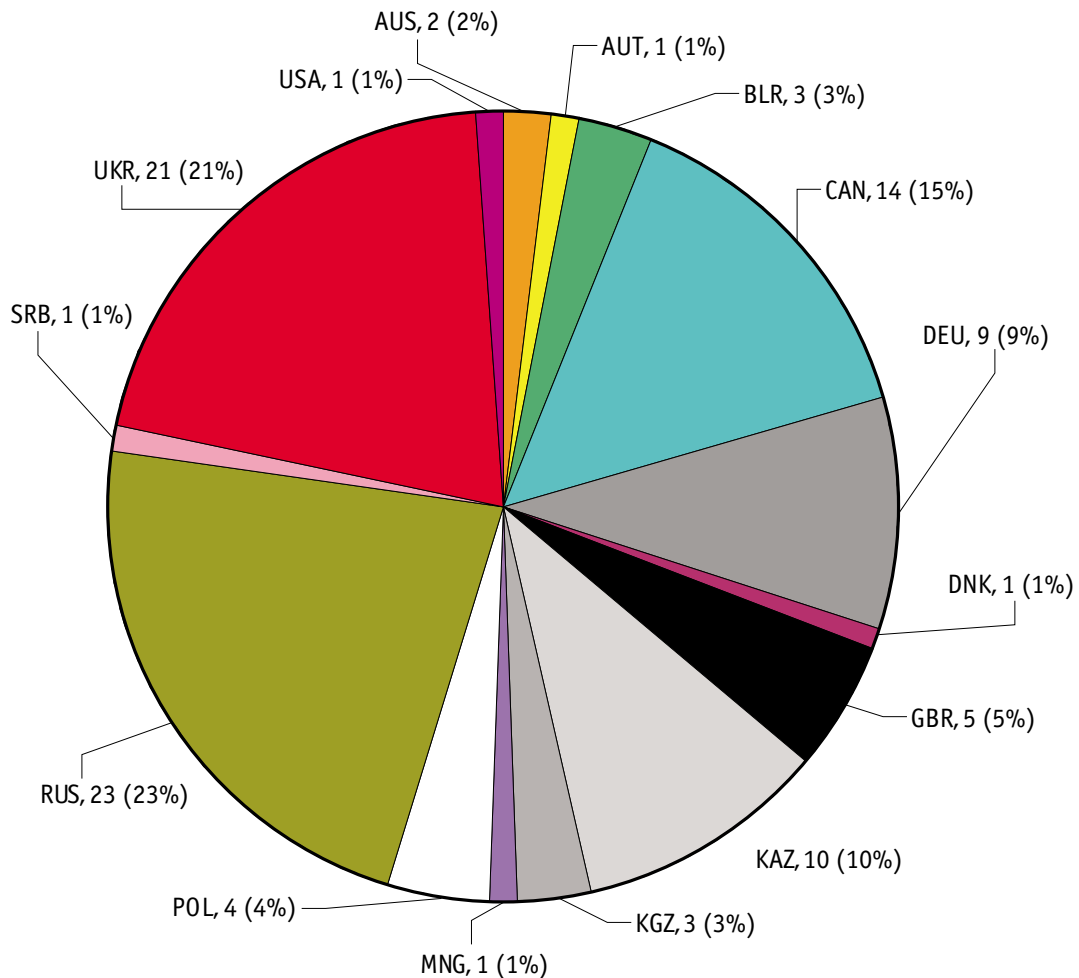


Рис. 1. Розподіл колекційних зразків ячменю ярого за країнами походження, шт. (%)

зразки із Західної Європи та по одному зразку з Австралії та Канади, III – зразки із Російської Федерації та Білорусі, IV – зразки із Казахстану, Киргизстану і Монголії. Голозерні зразки різного походження об'єднали в групу V, шестирядні зразки віднесли до групи VI. Повний перелік зразків та їх характеристика за різновидностями і країнами походження наведено нами у публікації [59].

Сівбу проводили сівалкою СКС-6-10Ц за настання фізичної стиглості ґрунту. Облікова площа ділянки 1 м<sup>2</sup>. Повторність триразова. Розміщення ділянок – повними рендомізованими блоками. Стандарт – сорт ячменю ярого 'Взірець' розміщували через 20 номерів. Для структурного аналізу відбирали не менше 25 рослин із кожної повторності. Кількість зерен підраховували у головному колосі.

Коефіцієнти фенотипової (PCV) і генотипової варіації (GCV), коефіцієнт успадкованості в широкому розумінні (H<sup>2</sup>), очікуване генетичне поліпшення (GA) та генетичне поліпшення виражене у відсотках до середнього рівня прояву ознаки (GAM) розраховували використовуючи формули запропо-

новані G. W. Burton, E. H. Devane [60], H. W. Johnson, H. F. Robinson, R. E. Comstock [61], R. W. Allard [62], D. S. Falconer [63]. Для ранжирування зразків за показниками статистичних параметрів застосовували наступні градації: для PCV, GCV і GAM = 0–10% – низький рівень, 11–20% – середній, > 20% – високий; H<sup>2</sup> = 0–30% – низький, 31–60% – середній, > 61% – високий. Показники гомеостатичності (Hom<sub>i</sub>) та селекційної цінності (Sc<sub>i</sub>) визначали відповідно до В. В. Хангільдіна, М. А. Литвиненка [64]. Статичний аналіз проводили з використанням комп'ютерних програм Excel 2010 і Statistica 12.

Дисперсійний аналіз АММІ моделі та візуалізації GGE biplot виконували програмою GEA-R. Детально основні принципи графічного аналізу та інтерпретація експериментальних даних викладена в оригінальних публікаціях [65–67].

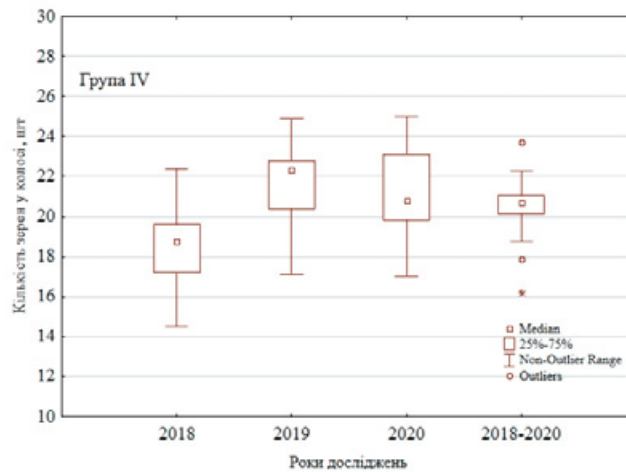
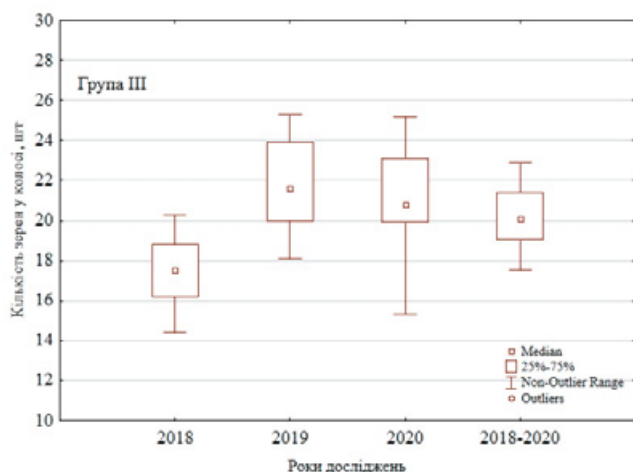
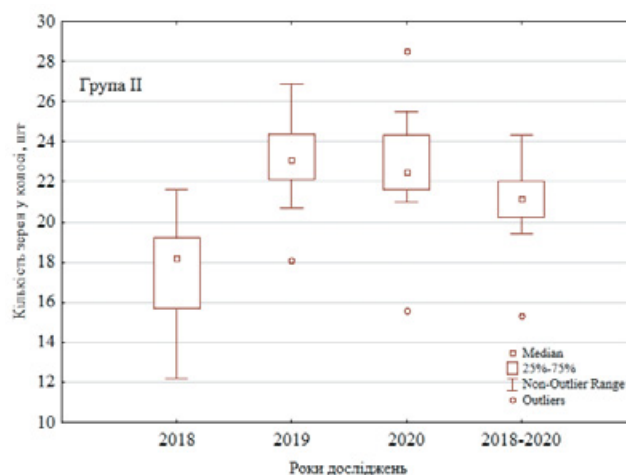
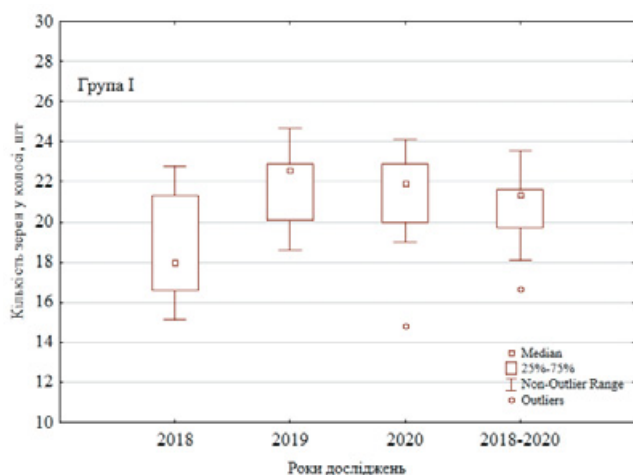
### Результати досліджень

Погодні умови передпосівного та вегетаційного періоду ячменю ярого в 2018–

2020 рр. різнилися за роками досліджень, а також варіювали відносно середніх багаторічних значень (за даними Агрометеостанції Миронівка), що детально охарактеризовано нами за коефіцієнтом суттєвості відхилень і опубліковано в одному з попередніх повідомлень [68]. З детальним аналізом рівня прояву абіотичних та біотичних чинників та вилягання у досліджені роки, внаслідок коливання погодних умов можна познайомитись у вище згаданій нашій публікації [59]. Тут ми обмежимося лише узагальненням того, що контрастні погодні умови різних років і спричинені ними різні ступені прояву низки стресових чинників та їх поєднання сприяли всебічному дослідженню та диференціації колекційних зразків за рівнем прояву і стабільністю кількості зерен у колосі.

Рівень прояву ознаки суттєво варіював, залежно від умов року і груп досліджених генотипів (рис. 2). Найменшу кількість зерен у колосі виявлено в 2018 р. У 2019 і 2020 рр. рівень прояву відрізнявся у зразків різних груп. Однак, за три роки досліджень середнє значення в межах груп дворядних зразків (I–V) було досить близьким (20,1–

21,0 зерен), хоча й з значними відмінностями у варіації. Найбільшу варіабельність середнього значення за три роки виявлено у Групі V (від 15,9 до 26,4 зерен), найменшу – у Групі III (від 17,5 до 22,9 зерен). Очікувано більше числове значення ознаки було в шестирядних зразках (Група VI), але із подібними до вище наведених, як для загальної вибірки, тенденціями за рівнем прояву як у окремі роки, так і в середньому за 2018–2020 рр. Розмах варіювання у даній групі становив від 29,3 до 46,4 зерен. Враховуючи варіабельність ознаки очевидним є той факт, що для використання в якості генетичних джерел з метою поліпшення ознаки найбільшу цінність становитимуть генотипи, з оптимальним поєднанням її підвищеного рівня прояву та відносної стабільності за роками. У таблиці 1 наведено характеристику зразків з найбільшим у середньому за три роки рівнем прояву кількості зерен у колосі, а також зразки з кращими показниками, які характеризують стабільність – мінімальними значеннями розмаху варіювання (R) та коефіцієнту варіації (V), а також максимальними значеннями параметрів гомеостатичності (Hom<sub>i</sub>) та селекційної цінності (Sc<sub>i</sub>).



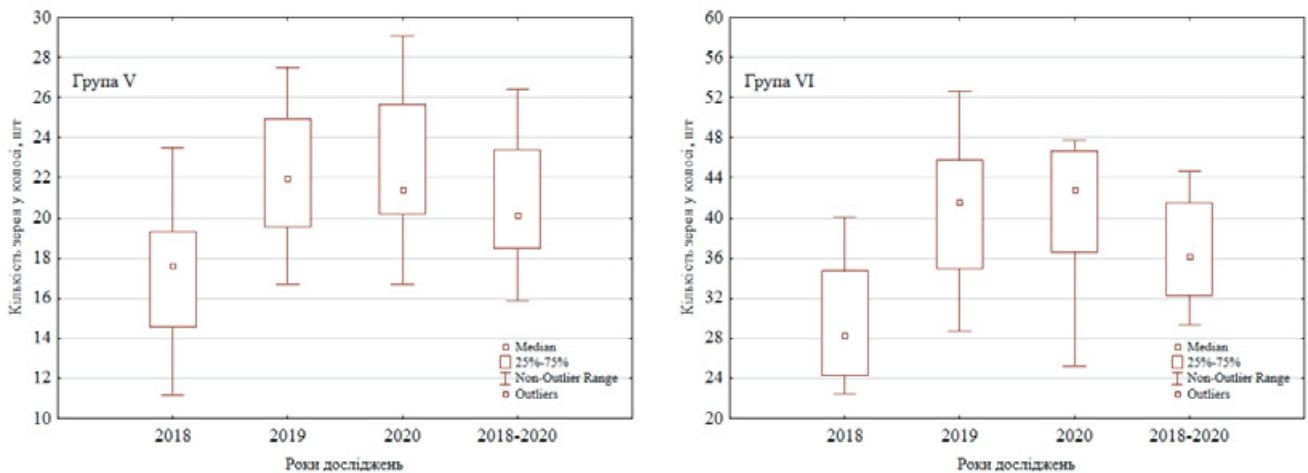


Рис. 2. Рівень прояву кількості зерен у колосі в різних групах зразків ячменю ярого залежно від умов років досліджень

Також для порівняння приведено середнє за групами значення (Mean) та стандартне відхилення ( $\sigma$ ) рівня прояву ознаки і статистичних параметрів за кожною з груп. Особливістю статичних параметрів  $\text{Hom}_i$  і селекційної цінності  $\text{Sc}_i$ , є те що вони не «прив'язані» до середнього значення у вибірці, а характеризують кожен зразок індивідуально, залежно від рівня прояву ознаки та її варіабельності. Тому ці показники можна використовувати і для порівняння генотипів у межах різних груп генотипів за умови дотримання розмірності числового вираження ознаки. У даному випадку – для дворядних плівчастих зразків різних груп та дворядних голозерних зразків. Шестирядні зразки за даними показниками «a priori» слід оцінювати окремо.

Дворядний плівчастий сорт-стандарт 'Взірець' (UKR) мав рівень прояву ознаки на рівні середніх значень для більшості дворядних груп зразків ( $20,6 \pm 2,9$  зерен), але не високі показники гомеостатичності ( $\text{Hom}_i = 144,7$ ) та селекційної цінності ( $\text{Sc}_i = 15,6$ ). Найбільшу величину показника гомеостатичності виявлено у зразків Групи I 'Смарагд' ( $\text{Hom}_i = 871,9$ ), 'Тівер' ( $\text{Hom}_i = 831,8$ ) і 'Новатор' ( $\text{Hom}_i = 723,5$ ) (UKR). Ці ж зразки мали і найбільші значення показника у межах даної групи ( $23,5 \pm 0,7 \dots 21,6 \pm 0,6$  зерен), хоча у дещо іншому порядку розміщення. Тому, для них виявлено і одні з найвищих показників селекційної цінності ( $\text{Sc}_i = 20,4-22,3$ ). Наочним прикладом необхідності не лише високого середнього значення рівня прояву ознаки за роками, але і його стабільності є сорт 'Concerto' (GBR), який мав найбільшу кількість зерен у колосі ( $24,3 \pm 5,9$  зерен) як у Групі II, так і загалом для усіх дворядних плівчастих

зразків (Групи I–IV). Однак, значне варіювання за роками ( $R = 10,9$  зерен) відобразилось на високому значенні коефіцієнту варіації ( $V = 24,2\%$ ). І, як підсумок, даний сорт мав дуже низькі показники гомеостатичності ( $\text{Hom}_i = 100,6$ ) та селекційної цінності ( $\text{Sc}_i = 15,0$ ).

Показовими також були значення параметрів у зразків Групи III 'Оленёк' (RUS) і 'Медикум 139' (RUS). У сорту 'Оленёк' (RUS) рівень прояву ознаки становив  $21,7 \pm 6,1$  зерен, однак унаслідок сильної варіабельності за роками ( $R = 10,6$  зерен), коефіцієнт варіації сягав  $V = 28,0\%$ . Даний зразок мав також і найгірші серед представлених у таблиці 1 показники  $\text{Hom}_i = 77,5$  і  $\text{Sc}_i = 12,6$ . У сорту 'Медикум 139' (RUS) за дещо нижчого середнього значення ознаки, але її меншої варіабельності за роками ( $R = 2,2$  зерен,  $V = 5,8\%$ ), показники гомеостатичності і селекційної цінності становили:  $\text{Hom}_i = 332,5$  і  $\text{Sc}_i = 17,2$ , відповідно. У Групі IV поєднували відносно високе значення ознаки у середньому за три роки зразки 'Сымбат' (KAZ) ( $23,7 \pm 1,3$  зерен,  $\text{Hom}_i = 448,3$ ,  $\text{Sc}_i = 21,3$ ), 'КАЗСУФФЛЕ 1' (KAZ) ( $22,3 \pm 1,2$  зерен,  $\text{Hom}_i = 431,2$ ,  $\text{Sc}_i = 20,1$ ) і 'Памяти Раисы' (KAZ) ( $20,7 \pm 1,0$  зерен,  $\text{Hom}_i = 435,7$ ,  $\text{Sc}_i = 19,0$ ). Абсолютне максимальне значення ознаки серед досліджених дворядних зразків (Групи I–V) виявлено у голозерного сорту 'CDC Candle' (CAN) ( $26,4 \pm 3,4$  зерен) (Група V), але у зв'язку з варіабельністю за роками показник його гомеостатичності був посереднім ( $\text{Hom}_i = 205,8$ ). Хоча за рахунок середнього значення ознаки селекційна цінність даного сорту була досить високою ( $\text{Sc}_i = 20,5$ ). Найкраще поєднання рівня прояву ознаки ( $24,7 \pm 1,3$  зерен), показників гомеостатичності ( $\text{Hom}_i = 483,5$ ) та селекційної

Таблиця 1

## Характеристика колекційних зразків ячменю ярого за кількістю зерен у колосі, гомеостатичністю та селекційною цінністю, 2018–2020 рр.

Шифр	Зразок	Різновид	Країна	Кількість зерен, шт.	R, шт.	V, %	Ном <sub>i</sub>	Sc <sub>i</sub>
G1	‘Взірець’ St	nutans	UKR	20,6 ± 2,9	5,6	14,2	144,7	15,6
Група I								
G53	‘Тівер’	nutans	UKR	23,5 ± 0,7	1,3	2,8	831,8	22,3
G75	‘Смарагд’	nutans	UKR	22,3 ± 0,6	1,1	2,6	871,9	21,2
G2	‘Новатор’	inerme	UKR	21,6 ± 0,6	1,2	3,0	723,5	20,4
Mean	–	–	–	20,6	3,9	10,4	332,4	17,1
σ	–	–	–	1,8	2,4	6,5	270,1	3,0
Група II								
G83	‘Concerto’	nutans	GBR	24,3 ± 5,9	10,9	24,2	100,6	15,0
G85	‘Almonte’	nutans	CAN	23,5 ± 2,0	3,9	8,3	284,0	19,9
G96	‘Despina’	deficiens	DEU	23,3 ± 2,5	4,5	10,6	220,7	19,1
G92	‘Vienna’	deficiens	AUT	22,1 ± 1,5	2,9	6,8	325,1	19,3
G94	‘Skald’	deficiens	POL	22,0 ± 3,0	5,8	13,8	159,5	16,8
G88	‘Mastvinster’	nutans	DEU	21,6 ± 1,6	3,1	7,2	300,0	18,7
Mean	–	–	–	21,0	6,1	15,6	169,6	15,7
σ	–	–	–	1,9	2,8	7,6	84	3,0
Група III								
G19	‘Карат’	nutans	RUS	22,9 ± 3,2	5,9	14,0	163,4	17,5
G22	‘Зубр’	nutans	BLR	22,5 ± 2,0	3,9	8,9	252,5	18,9
G42	‘Радзіміч’	nutans	BLR	21,8 ± 2,2	3,9	10,0	219,0	18,1
G41	‘Оленёк’	nutans	RUS	21,7 ± 6,1	10,6	28,0	77,5	12,6
G25	‘Медикум 139’	medicum	RUS	19,3 ± 1,1	2,2	5,8	332,5	17,2
Mean	–	–	–	20,1	4,8	12,7	189,0	15,8
σ	–	–	–	1,6	2,2	5,8	81,0	1,8
Група IV								
G29	‘Сымбат’	nutans	KAZ	23,7 ± 1,3	2,5	5,3	448,3	21,3
G47	‘КАЗСУФФЛЕ 1’	nutans	KAZ	22,3 ± 1,2	2,3	5,2	431,2	20,1
G44	‘Азык’	nutans	KAZ	21,1 ± 2,0	3,9	9,3	227,0	17,5
G58	‘Памяти Раисы’	medicum	KAZ	20,7 ± 1,0	1,8	4,8	435,7	19,0
Mean	–	–	–	20,4	3,8	9,6	258,6	17,0
σ	–	–	–	1,8	2,1	5,3	114,3	2,3
Група V								
G13	‘CDC Candle’	nudum	CAN	26,4 ± 3,4	6,5	12,8	205,8	20,5
G73	‘Millhouse’	nudum	CAN	24,7 ± 1,3	2,5	5,1	483,5	22,3
G5	‘CDC Cartel’	nudum	CAN	23,8 ± 3,6	6,6	15,0	158,3	17,8
G10	‘4-1’	nudum	UKR	23,5 ± 4,1	7,5	17,4	135,2	16,8
G4	‘Phoenix’	nudum	CAN	23,3 ± 2,7	5,4	11,6	200,7	18,5
Mean	–	–	–	20,6	6,3	16,4	187,7	15,2
σ	–	–	–	3,1	3,4	9,6	132,0	4,1
Група VI								
G62	‘Омский 99’	pallidum	RUS	44,6 ± 7,2	14,0	16,1	276,8	32,8
G66	‘AC Westech’	pallidum	CAN	44,6 ± 8,2	15,4	18,2	244,6	31,1
G68	‘AC Alma’	pallidum	CAN	43,0 ± 4,0	7,5	9,3	462,1	36,3
G69	‘Казьминский’	ricotense	RUS	39,9 ± 5,1	9,6	12,8	312,6	31,1
Mean	–	–	–	37,0	15,0	21,8	206,7	24,7
σ	–	–	–	5,4	5,6	9,0	110,5	6,5

**Примітка.** X – середнє значення у зразка за три роки, шт.; R – розмах варіювання ознаки, шт.; V – коефіцієнт варіації, %; Ном<sub>i</sub> – гомеостатичність; Sc<sub>i</sub> – селекційна цінність; Mean – середнє значення у межах груп зразків, шт.; σ – стандартне відхилення у межах груп зразків

цінності (Sc<sub>i</sub> = 22,3) серед голозерних зразків мав ‘Millhouse’ (CAN). Серед зразків шестирядного ячменю Групи VI оптимальніше поєднував озерненість та її стабільність ‘AC Alma’ (CAN) (43,0 ± 4,0 зерен, Ном<sub>i</sub> = 462,1, Sc<sub>i</sub> = 36,3).

З метою виявлення взаємодії генотип–середовище, диференціації та виявлення генотипів, які оптимально поєднують підвищену кількість зерен у колосі та її відносну стабільність застосували також дисперсійний аналіз AMMI моделі і візуалізації GGE biplot

окремо для підвидів та груп різновидностей дворядного підвиду. Встановлено достовірний внесок у загальну дисперсію генотипу, середовища та їх взаємодії для усіх досліджених варіантів (табл. 2). Однак, виявлено відмінності у співвідношенні їх часток для різних підвидів та груп різновидностей. Найбільший вплив умов середовища був ха-

рактерний для дворядних плівчастих зразків (40,2%). Для голозерних і шестирядних зразків значення даного джерела варіації було практично на одному рівні – 33,8 та 34,5%, відповідно. Найсуттєвіша взаємодія генотип–середовище (29,3%) виявлена для шестирядних зразків, найменша – для голозерних (17,3%).

Таблиця 2

**Частки внеску в загальну дисперсію за результатами дисперсійного АММІ аналізу кількості зерен у колосі зразків ячменю ярого**

Джерело варіації	Плівчасті дворядні зразки (Групи I–IV)	Голозерні дворядні зразки (Група V)	Шестирядні плівчасті зразки (Група VI)
Генотип	35,2	48,9	36,2
Середовище	40,2	33,8	34,5
Взаємодія генотип–середовище	24,6	17,3	29,3

У цілому дисперсійний аналіз підтверджує значне різноманіття у досліджених зразків за фенотиповим рівнем прояву ознаки за роками. Іншими словами, у дослідженій вибірці наявні зразки, які менше реагували на зміну умов року, тобто характеризувались вищою стабільністю, зразки з сильною мінливістю озерненості відповідно до загальних тенденцій варіювання для усієї вибірки у певному році, а також зразки мінливість яких мала перехресний тип взаємодії генотипу з середовищем. Тобто, рівень прояву ознаки в останніх у різні роки не співпадав з особливостями варіабельності загальної (усередненої) вибірки зразків.

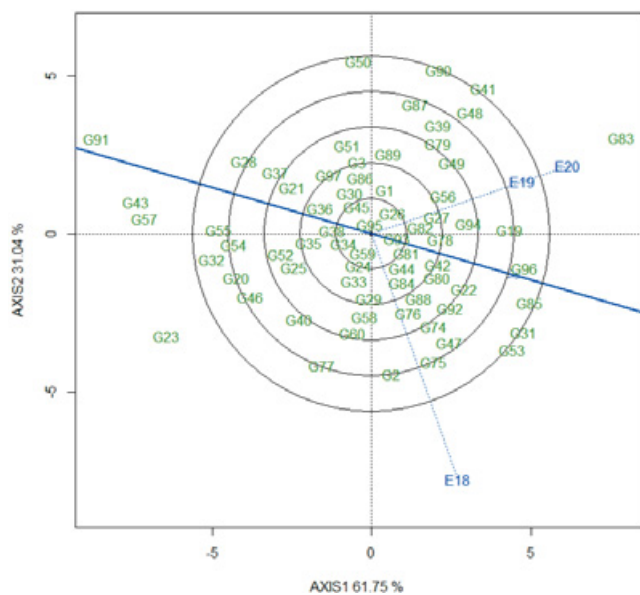
GGE biplot аналізом зразків Груп I–IV виявлено загальні подібності за рівнем прояву ознаки в умовах 2019 (E19) та 2020 (E20) рр. і відмінність в умовах 2018 р. (E18) (рис. 2). Відповідно до цього, умовами E19 і E20 утворено мегасередовище в якому найбільш вираженою була перевага зразка G83 ‘Concerto’ (GBR). В умовах E18 переважав зразок G53 ‘Тівер’ (UKR). Близькими до теоретичного «ідеального» генотипу розмістились зразки G85 ‘Almonte’ (CAN), G96 ‘Despina’ (DEU), G31 ‘Сымбат’ (KAZ) і G53 ‘Тівер’ (UKR). Однак, зразок G83 ‘Concerto’ (GBR) не зважаючи на високий у середньому за три роки рівень прояву ознаки, внаслідок сильного «провалу» в 2018 р., і відповідно значної варіабельності, був сильно віддаленим від центру центричних кіл.

У Групі V голозерних зразків, умови E19 і E20 були також більш віддаленими від E18, хоча і не настільки подібними між собою, порівняно з вище охарактеризованими для плівчастих дворядних зразків (рис. 4).

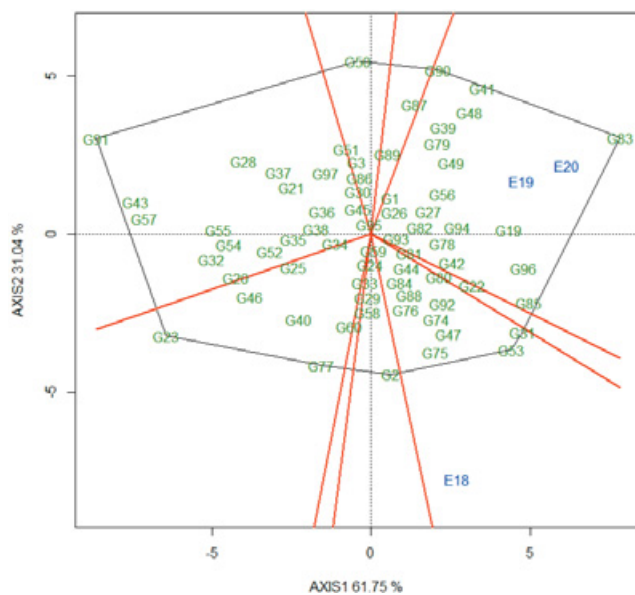
Однак, і для даної вибірки зразків умови E19 і E20 також утворили одне мегасередовище в якому слід виділити зразки G13 ‘CDC Candle’ (CAN) і G73 ‘Millhouse’ (CAN). Таким чином, хоча варіабельність зразка G13 ‘CDC Candle’ (CAN) за розмахом варіювання ознаки і статистичними параметрами була вищою порівняно з G73 ‘Millhouse’ (CAN), як було показано у таблиці 1, однак вона співпадала з особливостями зміни прояву ознаки у розрізі років для усієї вибірки голозерних зразків. Тому GGE biplot охарактеризував даний зразок як оптимальний. Не зважаючи на зміну рангів, обидва дані зразки були близькими до «ідеального» генотипу у даній групі. Окрім названих, значно переважали решту, зразки G5 ‘CDC Cartel’ (CAN), G10 ‘4-1’ (UKR) та G4 ‘Phoenix’ (CAN). Тому, вони також можуть бути певною мірою перспективними в селекційному процесі для підвищення озерненості голозерного ячменю.

Зовсім іншою, порівняно з розглянутими, була характеристика середовищ для шестирядних зразків (рис. 5). У даному випадку подібними за реакцією зразків були умови E18 і E19, але суттєво від них відрізнялись умови E20.

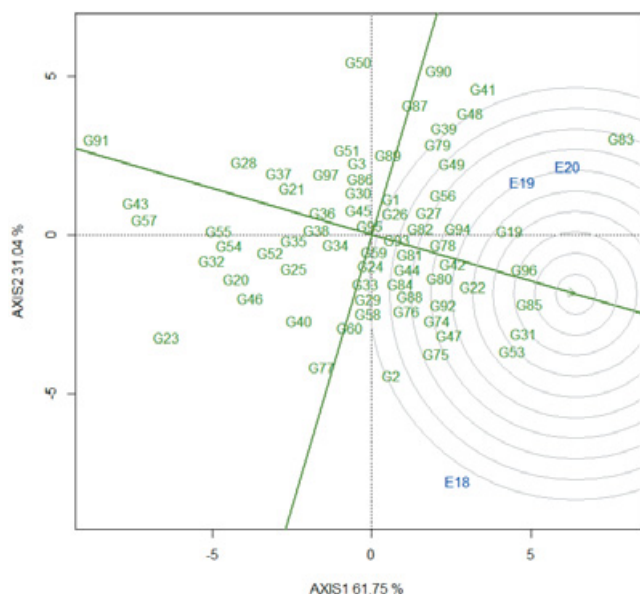
Відповідно, умови E18 і E19 утворили мегасередовище, переможцем у якому був зразок G62 ‘Омский 99’ (RUS). У середовищі E20 переважав зразок G68 ‘AC Alma’ (CAN), хоча на полігональній фігурі його розміщення було на лінії без яскраво вираженого кута. Слід виокремити зразок G66 ‘AC Westech’ (CAN), який розмістився на вершині кута утвореного на лінії, що розмежує мегасередовище E18–E19 і середовище E20. Таким чином, він мав досить високий



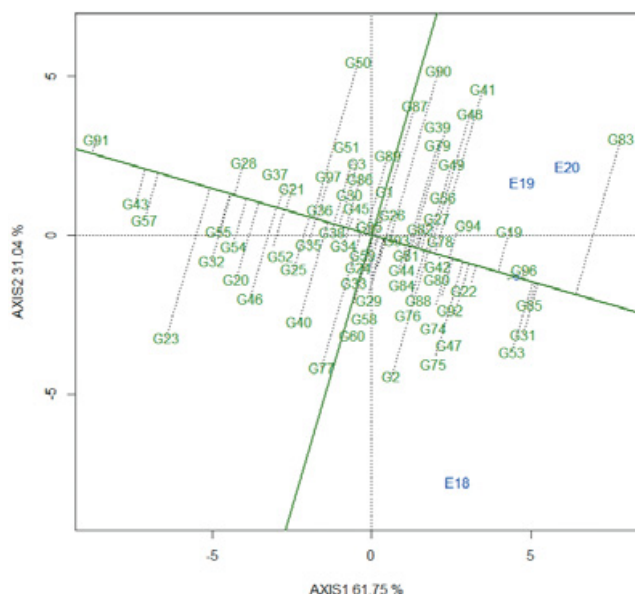
а – диференціальна здатність і репрезентативність



б – хто де переміг



в – ранжування відносно ідеального генотипу



г – рівень прояву та стабільність

Рис. 3. GGE biplot аналіз кількості зерен у колосі колекційних зразків ячменю ярого дворядного плівчастого (об'єднані Групи I–IV), 2018–2020 рр.

рівень прояву ознаки в обох цих секторах. Ранжирування відносно «ідеального» генотипу вказує, що найбільш оптимальне поєднання рівня прояву ознаки було у зразків G66 'AC Westech' (CAN) і G68 'AC Alma' (CAN). Зразок G62 'Омский 99' (RUS), хоча й мав високе середнє значення ознаки, однак внаслідок гірших показників відносно інших зразків у E20, був значно віддаленим від центру центричних кіл.

Слід підкреслити, що важливим практичним результатом проведених досліджень на наш погляд є виділені зразки походженням з Канади. Значна географічна віддаленість і інші кліматичні та едафічні умови місця їх створення дають можливість передбачати їх

як носії більш відмінної генетичної плазми, порівняно із зразками з Євразійського континенту, що сприятиме розширенню генетичної основи створюваних сортів.

На основі проведеного дослідження можна також узагальнити, що GGE biplot диференціює та характеризує зразки з урахуванням рівня прояву ознаки за роками (середовищами) для усієї дослідженої вибірки індивідів. Тому поєднання такого графічного аналізу і вище охарактеризованих статистичних показників, які характеризують окремі зразки незалежно від особливостей варіабельності загальної вибірки, дає можливість під різними кутами характеризувати таке складне явище, як взаємодія гено-



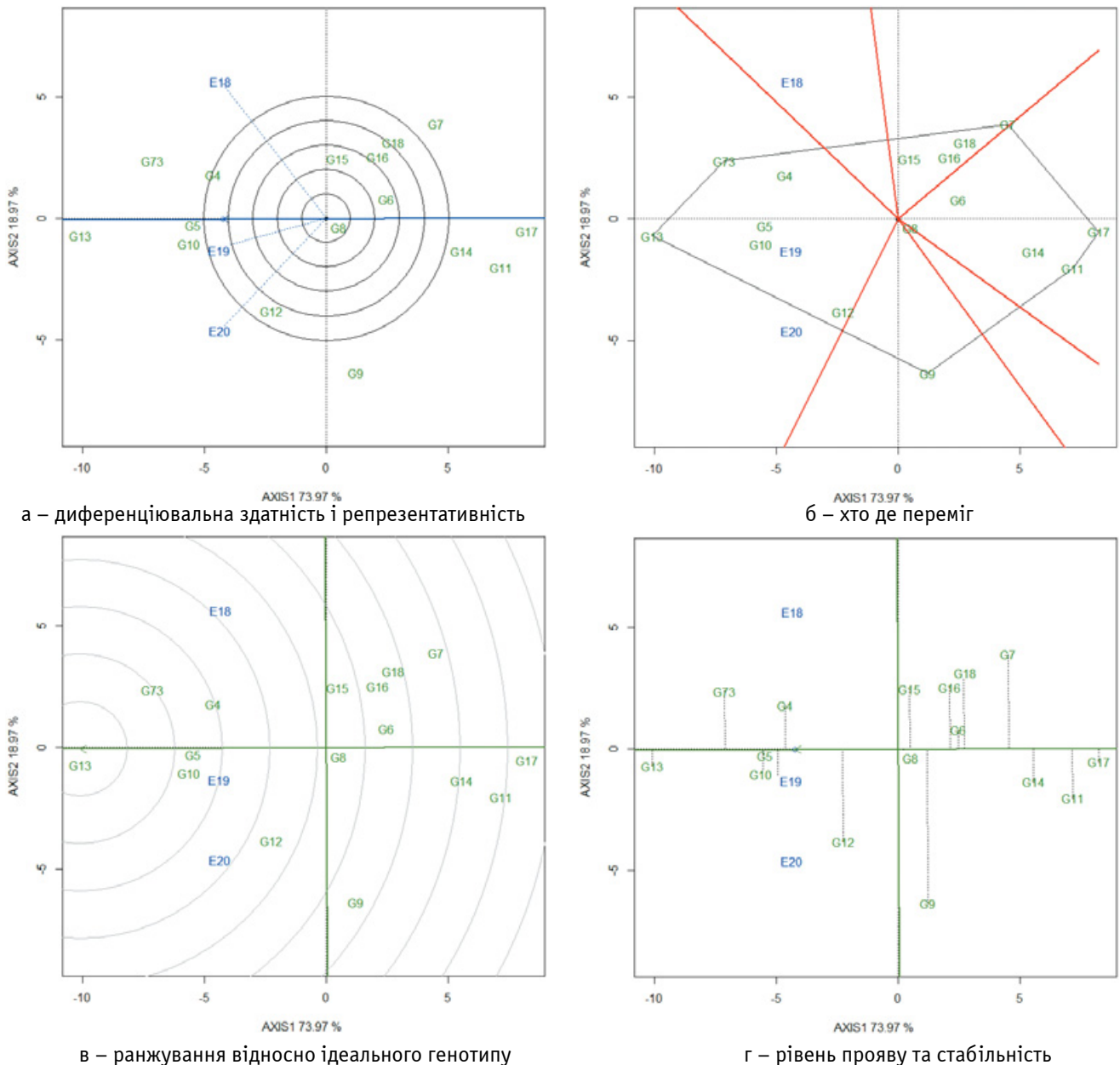


Рис. 4. GGE biplot аналіз кількості зерен у колосі колекційних зразків ячменю ярого дворядного голозерного (Група V), 2018–2020 рр.

тип – середовище та більш достовірно виділяти зразки з поєднанням величини прояву ознаки та її стабільності. Беззаперечною перевагою графічних моделей залишається можливість одночасної наочної характеристики відносно великої вибірки генотипів, що досить громіздко виглядає у табличному форматі.

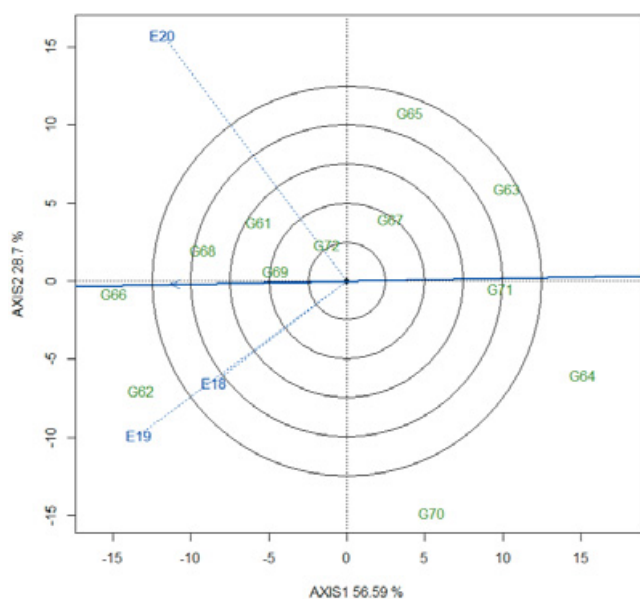
Враховуючи вище розглянуту суттєву залежність рівня прояву ознаки від умов вирощування для встановлення частки генетичної обумовленості в загальній фенотиповій мінливості визначено коефіцієнти фенотипової (PCV) і генотипової (GCV) варіацій, успадкованості ( $H^2$ ), очікуваного генетичного поліпшення (GA) і генетичного поліп-

шення вираженого у відсотках до середнього значення ознаки (GAM) у загальному для кожної з шести досліджених груп зразків (табл. 3).

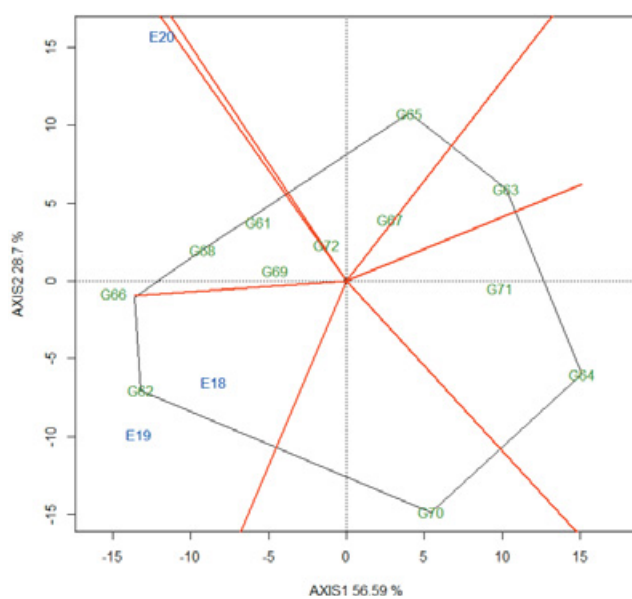
Таблиця 3

Фенотипове і генотипове варіювання, успадкованість та очікуване генетичне поліпшення за кількістю зерен у колосі ячменю ярого

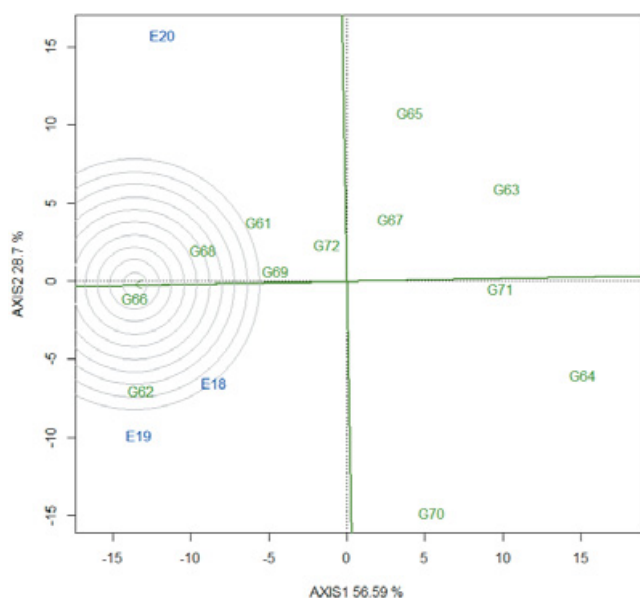
Група зразків	PCV, %	GCV, %	$H^2$	GA, шт.	GAM, %
Група I	9,6	7,93	68,3	2,92	13,50
Група II	9,7	8,25	72,5	3,30	14,47
Група III	11,0	9,78	79,4	3,84	17,95
Група IV	10,7	8,87	68,9	3,25	15,17
Група V	15,5	13,28	73,9	5,24	23,51
Група VI	18,9	10,95	33,7	5,30	13,10



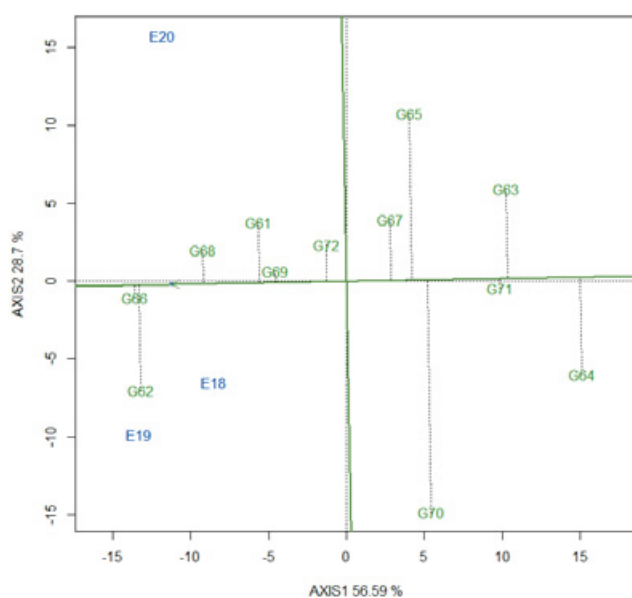
а – диференціальна здатність і репрезентативність



б – хто де переміг



в – ранжування відносно ідеального генотипу



г – рівень прояву та стабільність

Рис. 5. GGE biplot аналіз кількості зерен у колосі колекційних зразків ячменю ярого шестирядного плівчастого (Група VI), 2018–2020рр.

Відповідно до загальноприйнятої градації, коефіцієнт фенотипової варіації мав низьке значення у Групах I (PCV = 9,60%) та II (PCV = 9,7%). У решті груп він був середнім, з максимальним значенням у Групі VI (PCV = 18,9%). Коефіцієнт генотипової варіації був низьким у Групах I (GCV = 7,93%), II (GCV = 8,25%) і IV (GCV = 8,87%), наближався до високого в Групі III (GCV = 9,78%). Високе значення даного коефіцієнта було в Групі VI (GCV = 10,95%), і найбільшим в Групі V (GCV = 13,28%). Коефіцієнт успадкованості для Груп I–V був високим, з максимальним значенням для Групи III ( $H^2 = 79,4\%$ ). У Групі VI він наближався до низького ( $H^2 = 33,7\%$ ).

Показники генетичного поліпшення (GA) та генетичного поліпшення вираженого у відсотках до середнього значення ознаки (GAM) дають змогу прогнозувати ефективність використання досліджених генотипів для поліпшення відповідних ознак. Виходячи з отриманих значень показника генетичного поліпшення можна очікувати збільшення кількості зерен у колосі дворядного плівчастого ячменю (Групи I–IV) від  $GA = 2,92$  до  $GA = 3,25$  зерен, що у відсотках до середнього рівня прояву ознаки для різних груп становить, відповідно, від  $GAM = 13,5\%$  у Групі I до  $GAM = 17,95\%$  у Групі III. Для голозерних зразків (Група VI) збільшення кількості зерен у колосі можливе на  $GA = 5,24$  шт., що

у відсотках до середнього значення ознаки становить майже четверту частину ( $GAM = 23,51\%$ ) і відповідає високому значенню параметра. Для шестирядних зразків, не зважаючи на найбільше значення серед досліджених груп показника генотипової варіації, унаслідок низького коефіцієнту успадкованості, можливо отримати збільшення ознаки  $GA = 5,30$  шт., що за відсотковим показником ( $GAM = 13,10\%$ ) відповідає середньому рівню і є найнижчим значенням серед усіх досліджених груп зразків.

## Висновки

У результаті проведених досліджень виявлено сильну зміну рівня прояву кількості зерен у колосі ячменю ярого залежно від умов року і груп досліджених зразків різних підвидів і різновидностей та географічного походження. Дисперсійний аналіз АММІ моделі виявив достовірно високі частки внеску усіх складових загальної фенотипової варіації з певними відмінностями у межах груп досліджених зразків. Умови років досліджень впливали на прояв ознаки у межах  $33,8\text{--}40,2\%$ , рівень перехресної взаємодії генотипу і середовища становив  $17,3\text{--}29,3\%$ . У той же час, виявлено і достовірно високий внесок у варіацію генотипу ( $35,2\text{--}48,9\%$ ), що вказує на можливість виокремлення з дослідженої вибірки зразків з різними рівнями прояву ознаки та її стабільності.

За показниками гомеостатичності і селекційної цінності та візуалізаціями GGE biplot виділено колекційні зразки ячменю ярого які поєднують підвищену озерненість та її відносну стабільність за роками: дворядні плівчасті – ‘Тівер’ (UKR), ‘Almonte’ (CAN), ‘Despina’ (DEU), ‘Сымбат’ (KAZ), ‘Смарагд’ (UKR), ‘Новатор’ (UKR); дворядні голозерні – ‘CDC Candle’ (CAN) і ‘Millhouse’ (CAN), багаторядні плівчасті – ‘AC Westech’ (CAN) і ‘AC Alma’ (CAN). Встановлено, що у досліджених зразків можна очікувати генетичне поліпшення від середнього рівня ( $GAM = 13,1\%$ ) у багаторядних зразків до високого ( $GAM = 23,51\%$ ) у голозерних. Перспективою подальших досліджень є залучення виділених зразків для створення нового вихідного матеріалу та встановлення особливостей успадкування кількості зерен у колосі, а також виявлення взаємозв'язків цієї ознаки з іншими структурними елементами врожайності.

## Використана література

- Narwal S., Kumar D., Sheoran S. et al. Hullless barley as a promising source to improve the nutritional quality of wheat products. *J. Food Sci. Technol.* 2017. Vol. 54, Iss. 9. P. 2638–2644. doi: 10.1007/s13197-017-2669-6

- Лінчевський А. А. Ячмінь – джерело здорового способу життя сучасної людини. *Вісн. аграр. науки.* 2017. № 12. С. 14–21. doi: 10.31073/agroviznyk201712-03.
- Shaveta S., Kaur H., Kaur S. Hullless barley: a new era of research for food purposes. *J. Cereal Res.* 2019. Vol. 11, Iss. 2. P. 114–124. doi: 10.25174/2249-4065/2019/83719
- Habschied K., Lalić A., Krstanović V. et al. Comprehensive comparative study of the malting qualities of winter hull-less and hulled barley (2016–2019). *Fermentation.* 2021. Vol. 7, Iss. 1. Article 8. doi: 10.3390/fermentation7010008.
- 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
- Li Z., Lhundrup N., Guo G. et al. Characterization of genetic diversity and genome-wide association mapping of three agronomic traits in qingke barley (*Hordeum vulgare* L.) in the Qinghai-Tibet Plateau. *Front. Genet.* 2020. Vol. 11. Article 638. doi: 10.3389/fgene.2020.00638
- Guo X., Sarup P., Jensen J. D. et al. Genetic variance of metabolomic features and their relationship with malting quality traits in spring barley. *Front. Plant Sci.* 2020. Vol. 11. Article 575467. doi: 10.3389/fpls.2020.575467
- Riaz A., Kanwal F., Börner A. Advances in genomics-based breeding of barley: molecular tools and genomic databases. *Agronomy.* 2021. Vol. 11, Iss. 5. Article 894. doi: 10.3390/agronomy11050894
- Laidig F., Piepo H.-P., Rentel D. et al. Breeding progress, genotypic and environmental variation and correlation of quality traits in malting barley in German official variety trials between 1983 and 2015. *Theor. Appl. Genet.* 2017. Vol. 130, Iss. 11. P. 2411–2429. doi: 10.1007/s00122-017-2967-4
- Mastanjević K., Lenart L., Šimić G. et al. Malting quality indicators of Croatian dual-purpose barley varieties. *Croatian J. Food Sci. Technol.* 2017. Vol. 9, Iss. 2. P. 145–151. doi: 10.17508/CJFST.2017.9.2.09
- Assefa A., Girmay G., Alemayehu T., Lakew A. Performance evaluation and stability analysis of malt barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties for yield and quality traits in Eastern Amhara, Ethiopia. *CABI Agriculture and Bioscience.* 2021. Vol. 2. Article 31. doi: 10.1186/s43170-021-00051-w
- Govindaraj M., Vetriventhan M., Srinivasan M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Gen. Res. Int.* 2015. Article 431487. doi: 10.1155/2015/431487
- Nice L. M., Steffenson B. J., Blake T. et al. Mapping agronomic traits in a wild barley advanced backcross–nested association mapping population. *Crop Sci.* 2017. Vol. 57, Iss. 3. P. 1199–1210. doi: 10.2135/cropsci2016.10.0850
- Yadav R. K., Gautam S., Palikhey E. Agro-morphological diversity of Nepalese naked barley landraces. *Agriculture & Food Secur.* 2018. Vol. 7. Article 86. doi: 10.1186/s40066-018-0238-5
- Dyulgerova B., Dyulgerov N. Grain yield and yield related traits of sodium azide induced barley mutant lines. *J. Central Europ. Agric.* 2020. Vol. 21, Iss. 1. P. 83–91. doi: 10.5513/JCEA01/21.1.2419
- Nadolska-Orczyk A., Rajchel I. K., Orczyk W., Gasparis S. Major genes determining yield-related traits in wheat and barley. *Theor. Appl. Genet.* 2017. Vol. 130, Iss. 6. P. 1081–1098. doi: 10.1007/s00122-017-2880-x
- 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. P. 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
- Alqudah A. M., Koppolu R., Wolde G. M. et al. The genetic architecture of barley plant stature. *Front. Genet.* 2016. Vol. 7. Article 117. doi: 10.3389/fgene.2016.00117

19. Демидов О. А., Гудзенко В. М., Васильківський С. П. та ін. Рівень прояву та кореляція врожайності, морфологічних ознак і елементів структури врожаю ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Varieties Studying and Protection*. 2017. Т. 3, № 2. С. 190–197. doi: 10.21498/2518-1017.13.2.2017.105413
20. 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
21. Marzougui S., Chargui A. Estimation of correlation, regression and heritability among barley (*Hordeum vulgare* L.) accessions. *J. New Sci. Agric. Biotech.* 2018. Vol. 60, Iss. 2. P. 3838–3843.
22. Hu X., Zuo J., Wang J. et al. Multi-locus genome-wide association studies for 14 main agronomic traits in barley. *Front. Plant Sci.* 2018. Vol. 9. Article 1683. doi: 10.3389/fpls.2018.01683
23. Matin M. Q. I., Amiruzzaman M., Billah Md. M. et al. Genetic variability and path analysis studies in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Appl. Sci. Biotechnol.* 2019. Vol. 7, Iss. 2. P. 243–247. doi: 10.3126/ijasbt.v7i2.24635
24. Haaning, A. M., Smith, K. P., Brown-Guedira, G. L. et al. Natural genetic variation underlying tiller development in barley (*Hordeum vulgare* L.). *G3 Genes, Genomes, Genetics*. 2020. Vol. 10, Iss. 4. P. 1197–1212. doi: 10.1534/g3.119.400612
25. Bai Y., Zhao X., Yao X. et al. Genome wide association study of plant height and tiller number in hullless barley. *PLoS ONE*. 2021. Vol. 16, Iss. 12. Article e0260723. doi: 10.1371/journal.pone.0260723
26. Hudzenko V., Polishchuk T., Babii O., Demydov O. Evaluation of breeding improvement for spring barley varieties in terms of yield and yield-related traits. *Agric. & Forest.* 2021. Vol. 67, Iss. 1. P. 151–161. doi: 10.17707/AgricultForest.61.1.13
27. Miroslavljević M., Momčilović V., Mikić S. et al. Breeding progress in grain filling and grain yield components of six-rowed winter barley. *Zemdirbyste-Agriculture*. 2020. Vol. 107, Iss. 3. P. 271–278. doi: 10.13080/z-a.2020.107.035
28. Wang Q., Sun G., Ren X. 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. Article 469. doi: 10.3389/fpls.2019.00469.
29. Wang J., Wu X., Yue W. et al. Identification of QTL for barley grain size. *PeerJ*. 2021. Vol. 9. Article e11287. doi: 10.7717/peerj.11287
30. Youssef H. M., Allam M., Boussora F. et al. Dissecting the genetic basis of lateral and central spikelet development and grain traits in *intermedium*-spike barley (*Hordeum vulgare* convar. *intermedium*). *Plants*. 2020. Vol. 9, Iss. 12. Article 1655. doi: 10.3390/plants9121655
31. Sayed M. A., Allam M., Heck Q. K. et al. Analyses of MADS-box genes suggest HvMADS56 to regulate lateral spikelet development in barley. *Plants*. 2021. Vol. 10, Iss. 12. Article 2825. doi: 10.3390/plants10122825
32. van Esse G. W., Walla A., Finke A. et al. Six-rowed spike3 (VRS3) is a histone demethylase that controls lateral spikelet development in barley. *Plant Physiol.* 2017. Vol. 174, Iss. 4. P. 2397–2408. doi: 10.1104/pp.17.00108
33. Liller C. B., Neuhaus R., von Korff M. et al. Mutations in barley row type genes have pleiotropic effects on shoot branching. *PLoS ONE*. 2015. Vol. 10, Iss. 10. Article e0140246. doi: 10.1371/journal.pone.0140246
34. Zwirk M., Waugh R., McKim S. M. Interaction between row-type genes in barley controls meristem determinacy and reveals novel routes to improved grain. *New Phytol.* 2019. Vol. 221, Iss. 4. P. 1950–1965. doi: 10.1111/nph.15548
35. Tamm Y., Jansone I., Zute S., Jakobson I. Genetic and environmental variation of barley characteristics and the potential of local origin genotypes for food production. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*. 2015. Vol. 69, Iss. 4. P. 163–169.
36. Abdel-Moneam M. A., Leilah A. A. A. Combining ability for yield and its attributes in barley under stressed and non-stressed nitrogen fertilization environments. *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.* 2018. Vol. 5, Iss. 3. P. 37–50. doi: 10.22192/ijarbs.2018.05.03.006
37. Tanaka R., Nakano H. Barley yield response to nitrogen application under different weather conditions. *Sci. Rep.* 2019. Vol. 9. Article 8477. doi: 10.1038/s41598-019-44876-y
38. Bauer B., von Wirén N. Modulating tiller formation in cereal crops by the signalling function of fertilizer nitrogen forms. *Sci. Rep.* 2020. Vol. 10. Article 20504. doi: 10.1038/s41598-020-77467-3
39. Al-Tawaha A. R. M., Jahan N., Odat N. et al. Growth, yield and biochemical responses in barley to DAP and chitosan application under water stress. *J. Ecol. Eng.* 2020. Vol. 21, Iss. 6. P. 86–93. doi: 10.12911/22998993/123251
40. Rajala A., Hakala K., Mäkelä P., Peltonen-Sainio P. Drought effect on grain number and grain weight at spike and spikelet level in six-row spring barley. *J. Agron. Crop Sci.* 2011. Vol. 197, Iss. 2. P. 103–112. doi: 10.1111/j.1439-037X.2010.00449.x
41. Koprna R., Humplik J. F., Špišek Z. et al. Improvement of tillering and grain yield by application of cytokinin derivatives in wheat and barley. *Agronomy*. 2021. Vol. 11, Iss. 1. Article 67. doi: 10.3390/agronomy11010067
42. Ye L., Wang Y., Long L. et al. A trypsin family protein gene controls tillering and leaf shape in barley. *Plant Physiol.* 2019. Vol. 181, Iss. 2. P. 701–713. doi: 10.1104/pp.19.00717
43. Wang H., Chen W., Eggert K. et al. Abscisic acid influences tillering by modulation of strigolactones in barley. *J. Exp. Bot.* 2018. Vol. 69, Iss. 16. P. 3883–3898. doi: 10.1093/jxb/ery200
44. Youssef H. M., Hansson M. Crosstalk among hormones in barley spike contributes to the yield. *Plant Cell Rep.* 2019. Vol. 38. P. 1013–1016. doi: 10.1007/s00299-019-02430-0
45. Mehari M., Alamerew S., Lakew B. Genotype × environment interaction and yield stability of malt barley genotypes evaluated in Tigray, Ethiopia using the AMMI analysis. *Asian J. Plant Sci.* 2014. Vol. 13, Iss. 2. P. 73–79. doi: 10.3923/ajps.2014.73.79
46. Kiliç H. Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of grain yield in barley genotypes across environments. *J. Agr. Sci.* 2014. Vol. 20, Iss. 4. P. 337–344. doi: 10.15832/tbd.44431
47. Verma A., Singh J., Kumar V. et al. Non parametric analysis in multi environmental trials of feed barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* 2017. Vol. 6, Iss. 6. P. 1201–1210. doi: 10.20546/ijcmas.2017.606.139
48. Verma A., Kumar V., Kharab A. S., Singh G. P. AMMI model to estimate G × E for grain yield of dual purpose barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.* 2019. Vol. 8, Iss. 5. P. 1–7. doi: 10.20546/ijcmas.2019.805.001
49. Bocianowski J., Warzecha T., Nowosad K., Bathelt R. Genotype by environment interaction using AMMI model and estimation of additive and epistasis gene effects for 1000-kernel weight in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Appl. Genetics*. 2019. Vol. 60. P. 127–135. doi: 10.1007/s13353-019-00490-2
50. Yadav S. K., Singh A. K., Pandey P., Singh S. Genetic variability and direct selection criterion for seed yield in segregating generations of barley (*Hordeum vulgare* L.). *American J. Plant Sci.* 2015. Vol. 6. P. 1543–1549. doi: 10.4236/ajps.2015.69153
51. Ahmadi J., Vaezi B., Pour-Aboughadareh A. Analysis of variability, heritability, and interrelationships among grain yield and related characters in barley advanced lines. *Genetika*. 2016. Vol. 48, Iss. 1. P. 73–85. doi: 10.2298/GENSR1601073A
52. Malik P., Singh S. K., Singh L. et al. Studies on genetic heritability and genetic advance for seed yield and its component in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Pure Appl. Biosci.* 2018. Vol. 6, Iss. 6. P. 810–813. doi: 10.18782/2320-7051.7207
53. Dinsa T., Mekbib F., Letta T. Genetic variability, heritability and genetic advance of yield and yield related traits of food barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in Mid Rift valley of Ethiopia. *Adv. Crop Sci. Tech.* 2018. Vol. 6, Iss. 5. Article 1000401. doi: 10.4172/2329-8863.1000401

54. 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.2019.88.95
55. Ali M. B., Sayed M. A. Stability analyses and heritability of a doubled haploid population of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Egypt. J. Agron.* 2019. Vol. 41, Iss. 1. P. 47–58. doi: 10.21608/agro.2019.5512.1116
56. Sayd R. M., Amabile R. F., Faleiro F. G. et al. Genetic parameters and agronomic characterization of elite barley accessions under irrigation in the Cerrado. *Acta Scientiarum. Agronomy.* 2019. Vol. 41, Iss. 1. Article e42630. doi: 10.4025/actasciagron.v41i1.42630
57. Katiyar A., Sharma A., Singh S. et al. A study on genetic variability and heritability in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Cur. Microbiol. Appl. Sci.* 2020. Vol. 9, Iss. 10. P. 243–247. doi: 10.20546/ijcmas.2020.910.031
58. Negash G., Lule D., Jalata Z. Estimation of genetic variability, heritability and genetic advance among Ethiopian food barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces for yield and yield related traits. *Int. J. Agric. Agric. Sci.* 2021. Vol. 6, Iss. 3. P. 185–192.
59. Hudzenko V. M., Demydov O. A., Polishchuk T. P. et al. Comprehensive evaluation of spring barley yield and tolerance to abiotic and biotic stresses. *Ukrainian J. Ecol.* 2021. Vol. 11, Iss. 8. P. 48–55. doi: 10.15421/2021\_267
60. Burton G. W., Devane E. H. Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy J.* 1953. Vol. 45, Iss. 10. P. 478–481.
61. Johnson H. W., Robinson H. F., Comstock R. E. Genotypic and phenotypic correlation in soybean and their implication in selection. *Agronomy J.* 1955. Vol. 47, Iss. 10. P. 477–483.
62. Allard R. W. *Principles of Plant Breeding*. New York: John Wiley and Sons, 1960. 485 p.
63. Falconer D. S. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd ed. New York: John Wiley and Sons, 1989. 438 p.
64. Хангильдин В. В., Литвиненко Н. А. Гомеостатичность и адаптивность сортов озимой пшеницы. *Научно-техн. бюл. ВСГІ*. 1981. Вып. 1. С. 8–14.
65. Yan W., Tinker N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Can. J. Plant Sci.* 2006. Vol. 86, Iss. 3. P. 623–645. doi: 10.4141/P05-169
66. Hongyu K., Garcia-Pena M., de Araujo L. B., dos Santos Dias C. T. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype × environment interaction. *Biom. Lett.* 2014. Vol. 51, Iss. 2. P. 89–102. doi: 10.2478/bile-2014-0007
67. Frutos E., Galindo M. P., Leiva V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. *Stoch. Environ. Res. Risk. Assess.* 2014. Vol. 28, Iss. 7. P. 1629–1641. doi: 10.1007/s00477-013-0821-z
68. Гудзенко В. М., Поліщук Т. П., Бабій О. О. та ін. Комплексне оцінювання селекційних ліній ячменю ярого за врожайністю, стабільністю та стійкістю до біо- та абіотичних чинників в умовах центральної частини Лісостепу України. *Plant Var. Stud. Prot.* 2021. Т. 17, № 1. С. 30–42. doi: 10.21498/2518-1017.17.1.2021.228206
- barley (2016–2019). *Fermentation*, 7(1), 8. doi: 10.3390/fermentation7010008
5. Tsige, 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
6. Li, Z., Lhundrup, N., Guo, G., Dol, K., Chen, P., Gao, L., ... Li, H. (2020). Characterization of genetic diversity and genome-wide association mapping of three agronomic traits in qingke barley (*Hordeum vulgare* L.) in the Qinghai-Tibet Plateau. *Front. Genet.*, 11, 638. doi: 10.3389/fgene.2020.00638
7. Guo, X., Sarup, P., Jensen, J. D., Orabi, J., Kristensen, N. H., Mulder, F. A. A., ... Jensen, J. (2020). Genetic variance of metabolomic features and their relationship with malting quality traits in spring barley. *Front. Plant Sci.*, 11, 575467. doi: 10.3389/fpls.2020.575467
8. Riaz, A., Kanwal, F., & Börner, A. (2021). Advances in genomics-based breeding of barley: molecular tools and genomic databases. *Agronomy*, 11(5), 894. doi: 10.3390/agronomy11050894
9. 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. *Theor. Appl. Genet.*, 130(11), 2411–2429. doi: 10.1007/s00122-017-2967-4
10. Mastanjević, K., Lenart, L., Šimić, G., Lalić, A., & Krstanović, V. (2017). Malting quality indicators of Croatian dual-purpose barley varieties. *Croatian J. Food Sci. Technol.*, 9(2), 145–151. doi: 10.17508/CJFST.2017.9.2.09
11. Assefa, A., Girmay, G., Alemayehu, T., & Lakew, A. (2021). Performance evaluation and stability analysis of malt barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties for yield and quality traits in Eastern Amhara, Ethiopia. *CABI Agriculture and Bioscience*, 2, 31. doi: 10.1186/s43170-021-00051-w
12. Govindaraj, M., Vetriventhan, M., & Srinivasan, M. (2015). Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Gen. Res. Int.*, 431487. doi: 10.1155/2015/431487
13. Nice, L. M., Steffenson, B. J., Blake, T., Horsley, R., Smith, K., & Muehlbauer, G. J. (2017). Mapping agronomic traits in a wild barley advanced backcross–nested association mapping population. *Crop Sci.*, 57(3), 1199–1210. doi: 10.2135/cropsci2016.10.0850
14. Yadav, R. K., Gautam, S., & Palikhey, E. (2018). Agro-morphological diversity of Nepalese naked barley landraces. *Agriculture & Food Secur.*, 7, 86. doi: 10.1186/s40066-018-0238-5
15. Dylgerova, B., & Dylgerov, N. (2020). Grain yield and yield related traits of sodium azide induced barley mutant lines. *J. Central Europ. Agric.*, 21(1), 83–91. doi: 10.5513/JCEA01/21.1.2419
16. Nadolska-Orczyk, A., Rajchel, I. K., Orczyk W., & Gasparis S. (2017). Major genes determining yield-related traits in wheat and barley. *Theor. Appl. Genet.*, 130(6), 1081–1098. doi: 10.1007/s00122-017-2880-x
17. 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, 425–438. doi: 10.4236/as.2020.114025
18. Alqudah, A. M., Koppolu, R., Wolde, G. M., Graner, A., & Schnurbusch, T. (2016). The genetic architecture of barley plant stature. *Front. Genet.*, 7, 117. doi: 10.3389/fgene.2016.00117
19. Demydov, O. A., Hudzenko, V. M., Vasylyukivskyi, S. P., Melnyk, S. I., & Ukrainets, S. L. (2017). Expression level and correlation between yielding capacity, morphological characters and yield components in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Var. Stud. Prot.*, 13(2), 190–197. doi: 10.21498/2518-1017.13.2.2017.105413 [in Ukrainian]
20. 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

## References

1. Narwal, S., Kumar, D., Sheoran, S., Verma, R. P. S., & Gupta, R. K. (2017). Hullless barley as a promising source to improve the nutritional quality of wheat products. *J. Food Sci. Technol.*, 54(9), 2638–2644. doi: 10.1007/s13197-017-2669-6
2. 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]
3. Shaveta, S., Kaur, H., & Kaur S. (2019). Hullless barley: a new era of research for food purposes. *J. Cereal Res.*, 11(2), 114–124. doi: 10.25174/2249-4065/2019/83719
4. Habschied, K., Lalić, A., Krstanović, V., Dvojkić, K., Abičić, I., Šimić, G., & Mastanjević, K. (2021). Comprehensive comparative study of the malting qualities of winter hull-less and hulled

21. Marzougui, S. & Chargui, A. (2018). Estimation of correlation, regression and heritability among barley (*Hordeum vulgare* L.) accessions. *J. New Sci., Agric. Biotech.*, 60(2), 3838–3843.
22. Hu, X., Zuo, J., Wang, J., Liu, L., Sun, G., Li, C., ... Sun, D. (2018). Multi-locus genome-wide association studies for 14 main agronomic traits in barley. *Front. Plant Sci.*, 9, 1683. doi: 10.3389/fpls.2018.01683
23. Matin, M. Q. I., Amiruzzaman, M., Billah, Md. M., Banu, M. B., Naher, N., & Choudhury, D. A. (2019). Genetic variability and path analysis studies in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Appl. Sci. Biotechnol.*, 7(2), 243–247. doi: 10.3126/ijasbt.v7i2.24635
24. Haaning, A. M., Smith, K. P., Brown-Guedira, G. L., Chao, S., Tyagi, P., & Muehlbauer, G. J. (2020). Natural genetic variation underlying tiller development in barley (*Hordeum vulgare* L.). *G3 Genes, Genomes, Genetics*, 10(4), 1197–1212. doi: 10.1534/g3.119.400612
25. Bai, Y., Zhao, X., Yao, X., Yao, Y., An, L., Li, X., ... Wang, Z. (2021). Genome wide association study of plant height and tiller number in hullless barley. *PLoS ONE*, 16(12), e0260723. doi: 10.1371/journal.pone.0260723
26. Hudzenko, V., Polishchuk, T., Babii, O., & Demydov, O. (2021). Evaluation of breeding improvement for spring barley varieties in terms of yield and yield-related traits. *Agric. Forest.*, 67(1), 151–161. doi: 10.17707/AgricForest.61.1.13
27. Mirosavljević, M., Momčilović, V., Mikić, S., Abičić, I., & Pržulj, N. (2020). Breeding progress in grain filling and grain yield components of six-rowed winter barley. *Zemdirbyste-Agriculture*, 107(3), 271–278. doi: 10.13080/z-a.2020.107.035
28. Wang, Q., Sun, G., Ren, X., Du, B., Cheng, Y., Wang, Y., ... 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
29. Wang, J., Wu, X., Yue, W., Zhao, C., Yang, J., & Zhou, M. (2021). Identification of QTL for barley grain size. *Peer J.*, 9, e11287. doi: 10.7717/peerj.11287
30. Youssef, H. M., Allam, M., Boussora, F., Himmelsbach, A., Milner, S. G., Mascher, M., & Schnurbusch, T. (2020). Dissecting the genetic basis of lateral and central spikelet development and grain traits in *intermedium*-spike barley (*Hordeum vulgare* convar. *intermedium*). *Plants*, 9(12), 1655. doi: 10.3390/plants9121655
31. Sayed, M.A., Allam, M., Heck, Q. K., Urbanavičiūtė, I., Rutten, T., Stuart, D., ... Youssef, H. M. (2021). Analyses of MADS-box genes suggest HvMADS56 to regulate lateral spikelet development in barley. *Plants*, 10(12), 2825. doi: 10.3390/plants10122825
32. van Esse, G. W., Walla, A., Finke, A., Koornneef, M., Pecinka, A., & von Korff, M. (2017). Six-rowed spike3 (VRS3) is a histone demethylase that controls lateral spikelet development in barley. *Plant Physiol.*, 174(4), 2397–2408. doi: 10.1104/pp.17.00108
33. Liller, C. B., Neuhaus, R., von Korff, M., Koornneef, M., & van Esse, W. (2015). Mutations in barley row type genes have pleiotropic effects on shoot branching. *PLoS ONE*, 10(10), e0140246. doi: 10.1371/journal.pone.0140246
34. Zwirek, M., Waugh, R., & McKim, S. M. (2019). Interaction between row-type genes in barley controls meristem determinacy and reveals novel routes to improved grain. *New Phytol.*, 221(4), 1950–1965. doi: 10.1111/nph.15548
35. Tamm, Y., Jansone, I., Zute, S., & Jakobsone, I. (2015). Genetic and environmental variation of barley characteristics and the potential of local origin genotypes for food production. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*, 69(4), 163–169.
36. Abdel-Moneam, M. A., & Leilah, A. A. A. (2018). Combining ability for yield and its attributes in barley under stressed and non-stressed nitrogen fertilization environments. *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.*, 5(3), 37–50. doi: 10.22192/ijarbs.2018.05.03.006
37. Tanaka, R., & Nakano, H. (2019). Barley yield response to nitrogen application under different weather conditions. *Sci. Rep.*, 9, 8477. doi: 10.1038/s41598-019-44876-y
38. Bauer, B., & von Wirén, N. (2020). Modulating tiller formation in cereal crops by the signalling function of fertilizer nitrogen forms. *Sci. Rep.*, 10, 20504. doi: 10.1038/s41598-020-77467-3
39. Al-Tawaha, A. R. M., Jahan, N., Odat, N., Al-Ramamneh, E. A.-D., Al-Tawaha, A. R., Abu-Zaitoon, Y. M., ... Khanum, S. (2020). Growth, yield and biochemical responses in barley to DAP and chitosan application under water stress. *J. Ecol. Eng.*, 21(6), 86–93. doi: 10.12911/22998993/123251
40. Rajala, A., Hakala, K., Mäkelä, P., & Peltonen-Sainio, P. (2011). Drought effect on grain number and grain weight at spike and spikelet level in six-row spring barley. *J. Agron. Crop Sci.*, 197(2), 103–112. doi: 10.1111/j.1439-037X.2010.00449.x
41. Koprna, R., Humplík, J. F., Špišek, Z., Bryksová, M., Zatloukal, M., Mik, V., ... Doležal, K. (2021). Improvement of tillering and grain yield by application of cytokinin derivatives in wheat and barley. *Agronomy*, 11(1), 67. doi: 10.3390/agronomy11010067
42. Ye, L., Wang, Y., Long, L., Luo, H., Shen, Q., Broughton, S., ... Zhang, G. (2019). A trypsin family protein gene controls tillering and leaf shape in barley. *Plant Physiol.*, 181(2), 701–713. doi: 10.1104/pp.19.00717
43. Wang, H., Chen, W., Eggert, K., Charnikhova, T., Bouwmeester, H., Schweizer, P., ... Kuhlmann, M. (2018). Abscisic acid influences tillering by modulation of strigolactones in barley. *J. Exp. Bot.*, 69(16), 3883–3898. doi: 10.1093/jxb/ery200
44. Youssef, H. M., & Hansson, M. (2019). Crosstalk among hormones in barley spike contributes to the yield. *Plant Cell Rep.*, 38, 1013–1016. doi: 10.1007/s00299-019-02430-0
45. Mehari, M., Alamerew, S., & Lakew, B. (2014). Genotype × environment interaction and yield stability of malt barley genotypes evaluated in Tigray, Ethiopia using the AMMI analysis. *Asian J. Plant Sci.*, 13(2), 73–79. doi: 10.3923/ajps.2014.73.79
46. Kilič, H. (2014). Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of grain yield in barley genotypes across environments. *J. Agr. Sci.*, 20(4), 337–344. doi: 10.15832/tbd.44431
47. Verma, A., Singh, J., Kumar V., Kharab A. S., & Singh, G. P. (2017). Non parametric analysis in multi environmental trials of feed barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.*, 6(6), 1201–1210. doi: 10.20546/ijcmas.2017.606.139
48. Verma A., Kumar V., Kharab A. S., & Singh, G. P. (2019). AMMI model to estimate G × E for grain yield of dual purpose barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.*, 8(5), 1–7. doi: 10.20546/ijcmas.2019.805.001
49. Bocianowski, J., Warzecha, T., Nowosad, K., & Bathelt, R. (2019). Genotype by environment interaction using AMMI model and estimation of additive and epistasis gene effects for 1000-kernel weight in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Appl. Genetics*, 60, 127–135. doi: 10.1007/s13353-019-00490-2
50. Yadav, S. K., Singh, A. K., Pandey, P., & Singh, S. (2015). Genetic variability and direct selection criterion for seed yield in segregating generations of barley (*Hordeum vulgare* L.). *American J. Plant Sci.*, 6, 1543–1549. doi: 10.4236/ajps.2015.69153
51. Ahmadi, J., Vaezi, B., & Pour-Aboughadareh, A. (2016). Analysis of variability, heritability, and interrelationships among grain yield and related characters in barley advanced lines. *Genetika*, 48(1), 73–85. doi: 10.2298/GENSR1601073A
52. Malik, P., Singh, S. K., Singh, L., Gupta, P. K., Kumar, S., Yadav, R. K., ... Kumar, A. (2018). Studies on genetic heritability and genetic advance for seed yield and its component in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Pure Appl. Biosci.*, 6(6), 810–813. doi: 10.18782/2320-7051.7207
53. Dinsa, T., Mekbib, F., & Letta, T. (2018). Genetic variability, heritability and genetic advance of yield and yield related traits of food barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in Mid Rift valley of Ethiopia. *Adv. Crop Sci. Tech.*, 6(5), 1000401. doi: 10.4172/2329-8863.1000401
54. 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.2019.88.95

55. Ali, M. B., & Sayed, M. A. (2019). Stability analyses and heritability of a doubled haploid population of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Egypt. J. Agron*, 41(1), 47–58. doi: 10.21608/agro.2019.5512.1116
56. Sayd, R. M., Amabile, R. F., Faleiro, F. G., Costa, M. C., & Montalvro, A. P. L. (2019). Genetic parameters and agronomic characterization of elite barley accessions under irrigation in the Cerrado. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 41(1), e42630. doi: 10.4025/actasciagron.v41i1.42630
57. Katiyar, A., Sharma, A., Singh, S., Srivastava, A., & Vishwakarma, S. R. (2020). A study on genetic variability and heritability in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int. J. Cur. Microbiol. Appl. Sci.*, 9(10), 243–247. doi: 10.20546/ijcmas.2020.910.031
58. Negash, G., Lule, D., & Jalata, Z. (2021). Estimation of genetic variability, heritability and genetic advance among Ethiopian food barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces for yield and yield related traits. *Int. J. Agric. Agric. Sci.*, 6(3), 185–192.
59. Hudzenko, V. M., Demydov, O. A., Polishchuk, T. P., Fedorenko, I. V., Lysenko, A. A., Fedorenko, M. V., ... Shevchenko T. V. (2021). Comprehensive evaluation of spring barley yield and tolerance to abiotic and biotic stresses. *Ukrainian J. Ecol.*, 11(8), 48–55. doi: 10.15421/2021\_267
60. Burton, G. W., & Devane, E. H. (1953). Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy J.*, 45(10), 478–481.
61. Johnson, H. W., Robinson, H. F., & Comstock, R. E. (1955). Genotypic and phenotypic correlation in soybean and their implication in selection. *Agron. J.*, 47(10), 477–483.
62. Allard, R. W. (1960). *Principles of Plant Breeding*. New York: John Wiley and Sons.
63. Falconer, D. S. (1989). *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd ed. New York: John Wiley and Sons.
64. Khangildin, V. V., & Litvinenko, N. A. (1981). Stability and adaptability of winter wheat varieties. *Nauchno-tehnicheskiiy byulleten VSGI* [Scientific and technical bulletin APBGI], 1, 8–14. [in Russian]
65. Yan, W., Tinker, N. A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Can. J. Plant Sci.*, 86(3), 623–645. doi: 10.4141/P05-169
66. Hongyu, K., Garcia-Pena, M., de Araujo, L. B., & dos Santos Dias, C. T. (2014). Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype environment interaction. *Biometrical Letters*, 51(2), 89–102. doi: 10.2478/bile-2014-0007
67. Frutos, E., Galindo, M. P., & Leiva, V. (2014). An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. *Stoch. Environ. Res. Risk. Assess.*, 28(7), 1629–1641. doi: 10.1007/s00477-013-0821-z
68. Hudzenko, V. M., Polishchuk, T. P., Babii, O. O., Lysenko, A. A., & Yurchenko, T. V. (2021). Comprehensive evaluation of spring barley breeding lines in yield, stability and tolerance to biotic and abiotic factors under condition of the central part of the Ukrainian Forest-Steppe. *Plant Var. Stud. Prot.*, 17(1), 30–42. doi: 10.21498/2518-1017.17.1.2021.228206 [in Ukrainian]

UDC 633.16«321»:631.527

**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>, & Mandrov-ska, S. M.<sup>4</sup>** (2021). Level of manifestation and variability of grain number per spike in spring barley. *Plant Varieties Studying and Protection*, 17(4), 335–349. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.17.4.2021.249026>

<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 Heroiv Oborony St., Kyiv, 03041, Ukraine

<sup>4</sup>Institute of Bioenergy Crops and Sugar Beet, NAAS of Ukraine, 25 Klinichna St., Kyiv, 03110, Ukraine

**Purpose.** To identify features of the level of manifestation and variability of grain number per spike in spring barley and reveal new genetic sources by combining increased and stable level of manifestation of the trait for breeding in the central part of the Forest-Steppe of Ukraine. **Methods.** The research was conducted in 2018–2020 under conditions of the V. M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat of NAAS. We studied 96 collection accessions of different subspecies and groups of spring barley varieties originating from 15 countries. A number of statistical parameters and graphical models were used. **Results.** The ANOVA of the AMMI model revealed significantly higher part of contribution in the total phenotypic variation for every its component: growing season conditions (33.8–40.2%), genotype (35.2–48.9%), and genotype – environment interaction (17.3–29.3%). According to the homeostaticity ( $Hom_i$ ) and breeding value ( $Sc_i$ ) levels and GGE biplot visualizations, the samples were differentiated by the level of manifestation and variability of the trait and new genetic sources for barley breeding were identified. The coefficient of phenotypic variation ranged from low in two-rowed hulled samples (PCV = 9.60%) to near-high in

hulless ones (PCV = 18.9%). High values of the coefficient of genotypic variation were found in hulless (GCV = 10.95%) and six-rowed samples (GCV = 13.28%). The coefficient of heritability of the trait varied from high ( $H^2 = 79.4\%$ ) in two-rowed samples to near-low ( $H^2 = 33.7\%$ ) in six-rowed samples. The expected genetic improvement ranged from middle in multi-row samples (GAM = 13.10%) to high in hulless samples (GAM = 23.51%). **Conclusions.** Collection accessions combining increased grain number and its relative stability were identified, namely, two-rowed hulled ones ‘Tiver’ (UKR), ‘Almonte’ (CAN), ‘Despina’ (DEU), ‘Symbat’ (KAZ), ‘Smaragd’ (UKR), ‘Novator’ (UKR); two-rowed hulless ones ‘CDC Candle’ (CAN) and ‘Millhouse’ (CAN); multi-row hulled ones ‘AC Westech’ (CAN) and ‘AC Alma’ (CAN). The prospect of further research is to involve the selected accessions into creation of new source material and establish the peculiarities of the inheritance of grain number per spike, as well as to identify the relationship of this trait with other yield components.

**Keywords:** *Hordeum vulgare* L.; genotypic variation; phenotypic variation; heritability; homeostaticity; selection value; AMMI; GGE biplot.

Надійшла / Received 22.11.2021  
Погоджено до друку / Accepted 17.12.2021