

considerably depending on the variety. Confectionery properties are significantly changed depending on the variety origin and spelt lines. Thus, content of gluten varied from 29.2% in LPP 1197, LPP 3117 and NAK 34/12-2 lines to 44.9% in grain of Zoria Ukrainy variety (st). The highest content of gluten was in spelt grain of Zoria Ukrainy variety - 44.9% and a LPP 1221 line - 43.6%. Grain of the rest of studied varieties and lines of spelt contained significantly less gluten compared with the standard.

Among 16 varieties and lines of spelt only four of them had satisfactory weak gluten and the rest of them had unsatisfactory weak gluten. It should be noted gluten of spelt grain of a NAK 34/12-2 line which content was 29.2% by index of gluten deformation of 86 units of device, which is not typical for spelt. The result of it is recombigenesis in the wheat genome because of its hybridization with amphiploid (*Tr. durum* / *Ae. tauschii*). Grain of Shvedska 1 variety (101 units of device) and a line LPP 3132 (101 units of device) was close to the index of satisfactory weak gluten.

Ratio of biscuits diameter to its thickness changed the most. Thus, the lowest ratio was obtained for biscuits from flour of a line NAK34/12-2 (10,7), and the highest ratio was 20,2-21,0 in Schwabekorn varieties, NSS 6/01 and LPP 1197, LPP 1304 lines, that was significantly compared with the standard.

Estimation of diameter ratio of biscuits from spelt to its thickness varied from 3 to 9 points. Estimation of biscuits surface changed from 7 to 9 points, but the colour and appearance of braking did not change and was 9 points. Biscuits of Zoria Ukrainy (st), Schwabekorn varieties, NSS 6/01 and LPP 1221, LPP 3373, LPP 1224, LPP 1197, LPP 1304, NAK 22/12, TV 1100 lines showed the highest cooking estimation (9 points) among studied varieties and lines of spelt. The lowest cooking estimation (7.0 points) has biscuits of LPP 3122/2 and NAK 34/12-2 lines, and biscuits of the rest studied material of spelt had cooking estimation at the level of 7.5-8.0 points.

Key words: spelt, biscuits, confectionery properties, cooking estimation.

УДК 631.527.541.2:633.16

ДІАЛЕЛЬНИЙ АНАЛІЗ ГЕНЕТИЧНОГО КОНТРОЛЮ ДОВЖИНИ КОЛОСА СУЧАСНИХ СОРТІВ ЯЧМЕНЮ ЯРОГО

С.П. Васильківський, доктор сільськогосподарських наук

В. М. Гудзенко, кандидат сільськогосподарських наук

Миронівський інститут пшениці імені В.М. Ремесла НААН

Висвітлено результати селекційно-генетичних досліджень сучасних сортів ячменю ярого різного походження за довжиною головного колоса в системі повних діалельних (7 x 7) схрещувань. Виявлено адитивно-домінантний генетичний контроль ознаки. Виділено сорти з стабільним підвищеним рівнем загальної комбінаційної здатності – Віраж, KWS Aliciana, KWS Vambina, які рекомендовано використовувати у комбінаційній селекції як ефективні генетичні джерела на збільшення довжини головного колоса.

Ключові слова: ячмінь ярий, сорт, довжина головного колоса, діалельні схрещування, комбінаційна здатність, генетичні параметри, генетичні джерела

Постановка проблеми. Особливістю роду *Hordeum* L., на відміну від інших зернових колосових культур (пшениця, жито та ін.), є одноквітковість колосків у колосі [1]. Внаслідок цього кількість зерен з колоса досить тісно пов'язана з його довжиною. Довжина колоса є генетично обумовленою ознакою, але може суттєво варіювати внаслідок умов вирощування. Практичний інтерес становлять дослідження щодо виявлення генетичного контролю даної ознаки і виділення ефективних джерел для залучення у схрещування.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. В. В. Ващенко у генетичному контролі ознаки «довжина колоса» виявив переважання адитивно-домінантної системи [2]. У дослідженнях М. Р. Козаченка, П. М. Солонечного при залученні до схрещувань зразків із світової колекції різних різновидностей та отриманих експериментальним шляхом мутантів у всі роки досліджень домінантні ефекти генів переважали адитивні, а показник середнього ступеня домінування вказував на наддомінування [3, 4]. Такі ж закономірності виявлено при залученні до діалельних схрещувань форм з різним проявом остистості [5], а також сортів з різними якісними показниками зерна [6, 7]. Сильніший вплив домінантних ефектів генів за цією ознакою відмічено також і іншими дослідниками [8, 9].

Натомість у дослідах із залученням в гібридизацію форм з різним вмістом амілопектину, в одному році переважали домінантні ефекти генів та наддомінування, а в іншому – адитивні ефекти та неповне домінування [10].

А. А. Усикова при залученні до схрещувань контрастних за систематичними і господарсько цінними ознаками зразків виявила переважання адитивних ефектів генів над домінантними, а також ненаправленість домінування. В успадкуванні переважало неповне домінування [11]. Про адитивний контроль довжини головного колоса повідомляє також Л. И. Королева [12].

Таким чином проаналізовані літературні джерела містять неоднозначні дані щодо генетичного контролю даної ознаки, що очевидно зумовлено різним генетичним матеріалом залученим до схрещувань та умовами вирощування гібридів. Саме тому дослідження щодо селекційно-генетичних особливостей нових генотипів ячменю ярого за довжиною головного колоса у конкретних екологічних умовах не втрачають практичного значення для селекції цієї культури.

Мета досліджень – виявити селекційно-генетичні особливості сучасних сортів ячменю ярого за довжиною головного колоса та виділити генетичні джерела підвищеної комбінаційної здатності для залучення у гібридизацію.

Матеріали і методи. Дослідження проведені у Миронівському інституті пшениці імені В. М. Ремесла НААН (МІП ім. В. М. Ремесла НААН). Гібридизацію за повною (7 x 7) діалельною схемою виконували щороку в 2013-2015 рр. Компоненти схрещувань – сучасні сорти вітчизняної (Віраж, Талісман Миронівський (далі у таблицях – Талісман) (МІП ім. В. М. Ремесла НААН); Командор (Селекційно-генетичний інститут – Національний центр

насіннезнавства і сортовивчення НААН)) та зарубіжної (KWS Aliciana, KWS Bambina (DEU); Zhana, Explorer (FRA)) селекції. Рослини батьківських форм та F₁ вирощували у польових умовах 2014-2016 рр. у триразовій повторності. Довжину головного колоса визначали у 30 рослин з кожного повторення. Дисперсійний аналіз проводили згідно з Б. А. Доспеховим [13]. Комбінаційну здатність і генетичні параметри розраховували відповідно до М. А. Федина, Д. Я. Силиса, А. В. Смирєва [14]. Для розрахунків використали програми Excel 2010 та Statistica 8.0.

Результати досліджень. Таблиця 1 характеризує середнє значення довжини головного колоса залучених у схрещування сортів та гібридів з їх участю. Наявні достовірні відмінності як між компонентами схрещування, так і між F₁. Максимальний рівень прояву ознаки відмічено у сортів Віраж, KWS Aliciana, KWS Bambina, мінімальний – у сорту Талісман Миронівський.

1. Рівень прояву ознаки «довжина головного колоса» у компонентів схрещування та F₁ з їх участю

Сорт	2014 р.		2015 р.		2016 р.		Середнє	
	P	F ₁	P	F ₁	P	F ₁	P	F ₁
KWS Aliciana	10,18	10,49	9,63	10,02	9,37	9,98	9,73	10,16
KWS Bambina	9,90	10,51	9,31	10,05	8,99	9,77	9,40	10,11
Zhana	9,24	10,04	8,81	9,69	8,44	9,49	8,83	9,74
Explorer	8,57	9,97	8,29	9,73	8,40	9,41	8,42	9,70
Командор	9,12	10,08	8,60	9,71	8,63	9,55	8,79	9,78
Талісман	6,95	9,34	6,98	8,88	6,89	8,95	6,94	9,06
Віраж	9,52	10,59	9,14	10,10	9,18	9,87	9,28	10,19
Середнє	9,07	10,15	8,68	9,74	8,56	9,58	8,77	9,82
НІР ₀₅	0,19	0,24	0,29	0,28	0,20	0,25	-	-

Дисперсійний аналіз засвідчив достовірні значення як загальної (ЗКЗ), так і специфічної комбінаційної здатності (СКЗ), однак зі значною перевагою першої (табл. 2). Достовірне значення реципрокного ефекту відмічено лише у 2014 році.

2. Дисперсійний аналіз комбінаційної здатності сортів ячменю ярого за ознакою «довжина головного колоса»

Джерело варіювання	2014 р.			2015 р.			2016 р.		
	ms	F	%	Ms	F	%	ms	F	%
ЗКЗ	2,72	467,89*	90,19	2,52	319,33*	90,00	1,74	262,93*	91,58
СКЗ	0,27	45,67*	8,95	0,26	33,56*	9,29	0,14	21,72*	7,37
РЕ	0,02	2,83*	0,66	0,01	0,99	0,36	0,01	1,08	0,53
Похибка	0,006	-	0,20	0,01	-	0,36	0,01	-	0,53

*Примітка: ms – середній квадрат; F – критерій Фішера (фактичне значення); ЗКЗ – загальна комбінаційна здатність; СКЗ – специфічна комбінаційна здатність; РЕ – реципрокний ефект; * – достовірно на 1 % значущості*

Характеристика досліджених сортів за ефектами ЗКЗ, константами СКЗ та варіансами ЗКЗ і СКЗ наведені у таблицях 2 і 3. Достовірні позитивні ефекти ЗКЗ у всі роки досліджень мали Віраж (0,36-0,53), KWS Aliciana (0,33-0,49), KWS Bambina (0,23-0,44).

3. Ефекти загальної, варіанси загальної та специфічної комбінаційної здатності

Сорт	Ефекти ЗКЗ			Варіанса ЗКЗ			Варіанса СКЗ		
	2014*	2015	2016	2014	2015	2016	2014	2015	2016
KWS Aliciana	0,41	0,33	0,49	0,17	0,11	0,23	0,11	0,07	0,00
KWS Bambina	0,44	0,37	0,23	0,19	0,13	0,05	0,07	0,11	0,02
Zhana	-0,13	-0,06	-0,10	0,02	0,00	0,01	0,07	0,16	0,05
Explorer	-0,21	-0,01	-0,20	0,04	0,00	0,04	0,13	0,08	0,04
Командор	-0,07	-0,04	-0,02	0,00	0,00	0,00	0,12	0,13	0,08
Талісман	-0,96	-1,03	-0,76	0,92	1,07	0,57	0,05	0,03	0,05
Віраж	0,53	0,44	0,36	0,28	0,19	0,13	0,10	0,06	0,06
HIP ₀₅ (gi)	0,08	0,09	0,08	-	-	-	-	-	-
HIP ₀₁ (gi)	0,10	0,12	0,11	-	-	-	-	-	-
HIP ₀₅ (gi-gj)	0,12	0,13	0,12	-	-	-	-	-	-
HIP ₀₁ (gi-gj)	0,15	0,18	0,16	-	-	-	-	-	-

Примітка: * – роки досліджень

4. Константи специфічної комбінаційної здатності

Сорти	Рік	KWS Aliciana	KWS Bambina	Zhana	Explorer	Командор	Талісман
KWS Bambina	2014	0,35					
	2015	0,30					
	2016	0,18					
Zhana	2014	-0,32	-0,03				
	2015	-0,15	-0,48				
	2016	-0,17	-0,16				
Explorer	2014	-0,07	-0,49	0,35			
	2015	-0,15	0,25	0,42			
	2016	0,00	-0,24	0,25			
Командор	2014	-0,48	-0,01	0,26	0,29		
	2015	-0,40	-0,31	0,61	0,10		
	2016	-0,07	-0,01	0,32	0,02		
Талісман	2014	0,16	-0,01	0,04	-0,41	0,35	
	2015	0,05	0,04	-0,21	-0,33	0,26	
	2016	-0,03	0,20	-0,29	-0,28	0,30	
Віраж	2014	0,36	0,19	-0,31	0,32	-0,42	-0,14
	2015	0,35	0,20	-0,19	-0,30	-0,26	0,19
	2016	0,09	0,03	0,06	0,26	-0,55	0,11

Примітка: 2014 р.: HIP₀₅ – 0,15, HIP₀₁ – 0,20; 2015 р.: HIP₀₅ – 0,17, HIP₀₁ – 0,23; 2016 р.: HIP₀₅ – 0,16, HIP₀₁ – 0,21

Дані сорти можна рекомендувати як ефективні генетичні джерела для використання у комбінаційній селекції на збільшення довжини колоса.

Результати дисперсійного аналізу діалельних таблиць вказують на достовірність параметра b , що характеризує ефекти домінування у локусах (табл. 5).

5. Дисперсійний аналіз діалельних таблиць за ознакою

«ДОВЖИНА ГОЛОВНОГО КОЛОСА»

Компоненти генетичної варіації	df	2014 р.		2015 р.		2016 р.	
		ms	F	ms	F	ms	F
A	6	11,35	610,88**	9,63	358,48**	7,19	369,84**
B	21	1,60	86,16**	1,55	57,75**	1,19	61,29**
b_1	1	20,90	1124,73**	20,18	751,21**	18,70	961,42**
b_2	6	0,26	14,05**	0,21	7,93**	0,05	2,62*
b_3	14	0,80	42,88**	0,79	29,57**	0,43	22,14**
C	6	0,02	1,17	0,02	0,78	0,01	0,46
D	15	0,06	3,26**	0,02	0,90	0,03	1,36
Pt	96	0,02	-	0,03	-	0,02	-

Примітка: df – ступені свободи; ** – достовірно на 1 % значущості, * – на 5 % рівні

Компонент b_1 інформує, що середні значення батьківських компонентів не дорівнюють середньому значенню гібридів за їх участю, а відповідно середній ступінь домінування (H_1/D) не дорівнює нулю. Параметр b_2 свідчить про асиметрію розподілу генів у локусах, які проявляють домінування у 2014–2015 рр. Щодо 2016 р. то при 5 % рівні значимості показник був достовірним (нерівномірний розподіл), а на 1% рівні – недостовірним (рівномірний розподіл). Останнє підтверджується співвідношенням параметра $H_2/4H_1$: 2014-2015 рр. – $H_2/4H_1 \neq 0,25$, 2016 р. – $H_2/4H_1 = 0,25$ (0,247) (табл. 6).

6. Генетичні компоненти та коефіцієнти успадкованості за ознакою

«ДОВЖИНА ГОЛОВНОГО КОЛОСА»

Генетичні компоненти	2014 р.	2015 р.	2016 р.
D	1,14	0,75	0,67
H_1	1,12	1,07	0,80
H_2	1,06	1,03	0,79
F	0,11	-0,12	-0,01
H_1/D	0,98	1,43	1,20
$\sqrt{H_1/D}$	0,99	1,20	1,10
$1/2F/\sqrt{[D(H_1-H_2)]}$	0,23	-0,35	-0,03
$(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$	1,11	0,87	0,99
h^2/H_2	4,35	4,34	4,15
$H_2/4H_1$	0,24	0,24	0,25
$r[(W_r+V_r)_i; x_i]$	-0,79±0,27	-0,73±0,31	-0,94±0,16
F_1-P	1,08	1,06	1,02
H^2	0,98	0,96	0,97
h^2	0,65	0,62	0,61

Таким чином, можна стверджувати, що середній квадрат параметра a оцінює загальну генетичну варіацію у 2014-2015 рр. і переважно адитивну в 2016 р. Компонент d інформує про наявність реципрокних відмінностей у 2014 р., і навпаки, їх відсутність у 2015-2016 рр.

Високі значення коефіцієнтів регресії у роки досліджень ($b = 0,95 - 0,97$) засвідчили відсутність ефектів неалельної взаємодії (епістазу). У 2014 р. відмічено незначну перевагу адитивних ефектів (D) над домінантними (H_1 і H_2). У 2015–2016 рр., навпаки, вищі значення мали домінантні ефекти. Середній ступінь домінування (H_1/D) засвідчив домінування в 2014 р. та наддомінування в 2015–2016 рр. Така ж закономірність була характерною і для показника середнього ступеня домінування в локусах ($\sqrt{H_1/D}$). Однак співвідношення $1/2F/\sqrt{[D(H_1-H_2)]}$, яке суттєво відрізняється від 1,0, вказує на неоднакову середню ступінь домінування у різних локусах.

Показник відносної частоти розподілу домінантних і рецесивних алелів ($F < 0$) свідчить, що у 2014 р. незначну кількісну перевагу (прояв) мали рецесивні гени (ефекти), у 2015 р. – домінантні, а в 2016 р., показник статистично не відрізнявся від 0. Відношення загальної кількості домінантних генів до загальної кількості рецесивних генів у всіх залучених до схрещувань сортів демонструє параметр $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$.

Величина співвідношення h^2/H_2 вказує, що мінімум 4 гени (групи генів) виявили ефекти домінування. Достовірний коефіцієнт кореляції $r[(W_r + V_r); x_i]$ у всі роки засвідчив направленість домінування в сторону збільшення ознаки. Тобто ознаку збільшували домінантні гени. Це підтверджує і параметр $F_1 - P$. Коефіцієнт успадкованості в широкому розумінні (H^2) мав високі значення у всі роки досліджень (0,96–0,98), що вказує на значний вклад у фенотиповій мінливості генетичних особливостей. Коефіцієнт успадкованості у вузькому (h^2) розумінні поступався попередньому параметру, однак мав також досить значну величину (0,61–0,65).

Висновки. Суттєвий вклад адитивних ефектів та показники коефіцієнтів успадкованості дають підстави прогнозувати ефективність доборів спрямованих на збільшення ознаки у створеному гібридному матеріалі. У той же час переважання домінантних ефектів генів у двох із трьох років, зумовлює необхідність достатньої вибірки гібридного матеріалу і вказує на доцільність проведення більш «жорсткого» добору за фенотипом у пізніших поколіннях.

Як ефективні генетичні джерела для збільшення довжини колоса у комбінаційній селекції слід використовувати сорти Віраж, KWS Aliciana, KWS Vambina.

Література

1. Трофимовская А. Я. Ячмень (эволюция, классификация, селекция). Л. : Колос, 1972. 296 с.
2. Ващенко В. В. Мінливість і генетичний аналіз ознаки довжина колоса у рослин ячменю ярого // Бюлетень Інституту зернового господарства УААН.

2010. № 38. С. 182–186.

3. Козаченко М. Р., Солонечний П. М., Васько Н. І. Селекційно-генетичні особливості різновидностних форм ячменю ярого // Селекція і насінництво. 2010. Вип. 98. С. 53–67.

4. Козаченко М. Р., Солонечний П. М. Селекційно-генетичні особливості різновиднісних форм ячменю ярого за кількісними ознаками в F_1 і F_2 гібридів від діалельних схрещувань // Селекційно-генетичні дослідження ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. Харків, 2012. С. 194–200.

5. Козаченко М. Р., Іванова Н. В. Селекційно-генетичні особливості форм ячменю ярого з різним проявом остистості // Селекційно-генетичні дослідження ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. Харків, 2012. С. 318–326.

6. Важеніна О. Є., Козаченко М. Р., Васько Н. І. Генетичні компоненти, успадковуваність і кореляції ознак продуктивності та вмісту білка у гібридів ячменю ярого // Генетичні ресурси рослин. 2008. № 5. С. 169 –176.

7. Козаченко М. Р., Важеніна О. Є. Компоненти генетичної дисперсії, успадковуваність ознак продуктивності та вмісту білку у гібридів ячменю ярого // Генетичні закономірності селекції ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. Харків, 2016. С.146 –152.

8. Маренюк О. Б. Селекційно-генетична оцінка вихідного матеріалу ячменю ярого в умовах підвищеної кислотності ґрунтів Правобережного Лісостепу: автореферат дис... канд. с.-г. наук : спец. 06.01.05 – селекція і насінництво / Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН. Київ 2015. 19 с.

9. Никитенко Г. Ф., Полухин М. А., Горшкова В. А. Использование результатов диаллельного анализа в селекции ячменя на продуктивность и качество // Генетика. 1978. Т. 14, № 11. С. 1975–1984.

10. Козаченко М. Р., Наумов О. Г. Селекційно-генетичні особливості ячменю з різним вмістом амілопектину в крохмалі за компонентами генетичної дисперсії (варіації) // Генетичні закономірності селекції ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. Харків, 2016. С.234 –242.

11. Усикова А. А. Наследование количественных признаков колоса и зерновки в системе диаллельных скрещиваний ячменя // Цитология и генетика. 1979. Т. 13, № 1. С. 48–54.

12. Королева Л. И. Наследование количественных признаков у F_1 гибридов ячменя в диаллельных скрещиваниях // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 1982. Т. 73, Вып. 3. С. 60–65.

13. Доспехов Б. А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). Изд. 5-е, доп. и перераб. М. : Агропромиздат, 1985. 351 с.

14. Федин М. А., Силис Д. Я., Смиряев А. В. Статистические методы генетического анализа. Москва : Колос, 1980. 207 с.

References

1. Trofimovskaya A. Ya. (1972). Barley (evolution, classification, breeding). L.: Kolos, 296 p. (in Russian).

2. Vashchenko V. V. (2010). Variability and genetic analysis of spike length in plants of spring barley. *Bulletin of the Institute of Grain Farming of UAAS*, no 38, pp.182–186.

3. Kozachenko M. R., Solonechnyi P. M., Vasko N. I. (2010). Plant breeding and genetic features of varietal forms of spring barley. *Plant Breeding and Seed Production*, Vol. 98, pp. 53–67. (in Ukrainian).

4. Kozachenko M. R., Solonechnyi P. M. (2012). Plant breeding and genetic features of varietal forms of spring barley by quantitative traits in F₁ and F₂ hybrids derived from diallel crossings. In *Plant breeding and genetic studies of spring barley*. Kharkiv, pp. 194–200. (in Ukrainian).

5. Kozachenko M. R., Ivanova N. V. (2012). Plant breeding and genetic features of spring barley forms with different expression of awness. In *Plant breeding and genetic studies of spring barley*. Kharkiv, pp. 318–326. (in Ukrainian).

6. Vazhenina O. Ye., Kozachenko M. R., Vasko N. I. (2008). Genetic components, inheritance, and correlations of productivity and protein content in spring barley hybrids. *Plant Genetic Resources*, Vol. 5, pp. 169 –176. (in Ukrainian).

7. Kozachenko M. R., Vazhenina O. Ye. (2016). Components of genetic dispersion, inheritance of traits of productivity and protein content in spring barley hybrids. In *Genetic regularity in spring barley breeding*. Kharkiv, pp. 146–152. (in Ukrainian).

8. Mareniuk O. B. (2015). *Selection-genetic evaluation of source material of spring barley in increased soil acidity conditions of the right-bank Forest-Steppe zone*. (Extended Abstract of Cand. Agric. Sci. Diss.). Institute of bioenergy crops and sugar beet of the NAAS, Kyiv, 19 p. (in Ukrainian).

9. Nikitenko G. F., Polukhin M. A., Gorshkova V. A. (1978). Use of the results of diallel analysis in barley breeding for productivity and quality. *Genetics*, Vol. 14, no 11, pp. 1975–1984. (in Russian).

10. Kozachenko M. R., Naumov O. H. (2016). Plant breeding and genetic features of barley with different content of amylopectin in starch by components of genetic dispersion (variation). In *Genetic regularity in spring barley breeding* Kharkiv, pp. 234 –242. (in Ukrainian).

11. Usikova A. A. (1979). Inheritance of quantitative traits of spike and kernel in system of diallel crosses of barley. *Cytology and Genetics*, Vol. 13, no 1, pp. 48–54.

12. Koroleva L. I. (1982). Inheritance of quantitative traits in F₁ barley hybrids in diallel crosses. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*, Vol. 13, no 3, pp. 60–65.

13. Dospekhov, B. A. (1985). *Methods of field experiment (with the basics of statistical processing of research results)*. (5th ed., rev.). Moscow: Agropromizdat, 351 p. (in Russian).

14. Fedin M. A., Silis D. Ya., Smiryaev A. V. (1980). Statistical methods of genetic analysis. Moscow: Kolos, 207 p. (in Russian).

Одержано 22.02.2017

Аннотация

Васильковський С.П., Гудзенко В. Н.

Диаллельный анализ генетического контроля длины колоса современных сортов ячменя ярового

Особенностью рода *Hordeum L.* является одноцветковость колосков в колосе. В связи с этим количество зерен с колоса тесно связано с его длиной. Имеющиеся литературные источники содержат неоднозначные данные относительно генетического контроля данного признака, что может быть следствием различного генетического материала вовлеченного в скрещивания и условий выращивания гибридов. Таким образом, исследования относительно селекционно-генетических особенностей ячменя ярового по длине главного колоса в конкретных экологических условиях имеют практическое значение для селекции этой культуры.

Цель исследований – выявить селекционно-генетические особенности современных сортов ячменя ярового по признаку «длина главного колоса» и выделить генетические источники повышенной комбинационной способности.

Исследования проведены в Мироновском институте пшеницы имени В.Н. Ремесло НААН. По полной диаллельной схеме (7 x 7) скрестили современные сорта отечественной (Вираз, Талисман Мироновский, Командор) и зарубежной (KWS Aliciana, KWS Bambina, Zhana, Explorer) селекции. Родительские компоненты и F_1 исследовали в полевых условиях 2014–2016 гг.

Дисперсионный анализ засвидетельствовал достоверные значения как общей (ОКС), так и специфической комбинационной способности (СКС), но со значительным преимуществом ОКС. Реципрокный эффект отмечен только в 2014 году. Достоверные позитивные эффекты во все годы исследований отмечены для сортов Вираз (0,36-0,53), KWS Aliciana (0,33-0,49), KWS Bambina (0,23-0,44). В генетическом контроле выявлена аддитивно-доминантная система. Неаллельного взаимодействия не наблюдали. В 2014 г. превалировали аддитивные эффекты, а в 2015–2016 гг. – доминантные. Средняя степень доминирования (H_1/D) свидетельствовала о доминировании в 2014 г. и сверхдоминировании в 2015–2016 гг. Такая же закономерность была характерной и для показателя средней степени доминирования в локусах ($\sqrt{H_1/D}$). Доминирование было достоверно направленным на увеличение признака. Выявлены как минимум 4 гены (блоки генов), которые проявляли эффекты доминирования. Показатель относительной частоты распределения доминантных и рецессивных аллелей ($F < 0$) варьировал по годам: в 2014 г. – незначительно превышали рецессивные гены (эффекты), в 2015 г. – доминантные, а в 2016 г. зафиксировано практически равномерное распределение доминантных и рецессивных аллелей между родительскими компонентами. Высокие значения коэффициента наследуемости в широком смысле ($H^2 = 0,96 - 0,98$) свидетельствуют о значительной обусловленности фенотипической изменчивости генетическими факторами, а коэффициента наследуемости в узком смысле ($h^2 = 0,61 - 0,65$) – о вкладе аддитивных эффектов генов.

Существенный вклад аддитивных эффектов генов и показатели коэффициентов наследуемости дают основания прогнозировать эффективность отборов на повышение признака в созданном гибридном материале. В то же время превалирование доминантных эффектов в большинстве годов обуславливает необходимость достаточной выборки материала и рациональность проведения «жесткого» отбора по фенотипу в более поздних поколениях.

Как эффективные источники для увеличения длины колоса в комбинационной

селекции следует использовать сорта *Вираж*, *KWS Aliciana*, *KWS Bambina*.

Ключевые слова: ячмень яровой, сорт, длина главного колоса, диаллельные скрещивания, комбинационная способность, генетические параметры, генетические источники

Annotation

Vasytkovskiy S.P., Hudzenko V.M.

Diallel analysis of the genetic control of spike length in spring barley modern varieties

The genus *Hordeum* L. is characterized with one-flowered spikelet in spike. In this regard, grain number per spike is closely related to its length. The available literature contain ambiguous data on the genetic control of this trait which may be due to various genetic material involved in crossing and growing conditions of hybrids as well. Therefore, research on the breeding and genetic characteristics of spring barley by main spike length in specific environmental conditions is of practical importance for the crop breeding.

The purpose of the research is to identify breeding and genetic characteristics of modern varieties of spring barley concerning to "the main spike length" and to identify genetic sources of enhanced combining ability.

The researches were carried out at the V.M. Remeslo Myronivka Institute of Wheat of NAAS. According to the complete diallel scheme (7 x 7), modern domestic varieties (*Virazh*, *Talisman Myronivskiy*, *Komandor*) and foreign ones (*KWS Aliciana*, *KWS Bambina*, *Zhana*, *Explorer*) were crossed. The parent components and F_1 were examined in the field in 2014-2016.

The analysis of variance has attested to reliable values of both general (GCA) and specific combining ability (SCA), but with a significant advantage of GCA. Reciprocal effect was noted only in 2014. Reliable positive effects during all the years of research were noted for varieties *Virazh* (0.36-0.53), *KWS Aliciana* (0.33-0.49), *KWS Bambina* (0.23-0.44). In genetic control an additive-dominant system has been identified. Non-allelic interaction was not observed. In 2014 the additive effects prevailed, and in 2015-2016 the dominant ones did. The average degree of dominance (H_1/D) indicated dominance in 2014 and overdominance in 2015-2016. The same pattern was characteristic also for the indices of average degree of dominance in the loci ($\sqrt{H_1/D}$). Domination was reliably aimed at increasing the trait. At least 4 genes (blocks of genes) were detected that exhibited effects of domination. The index of relative frequency of distribution of dominant and recessive alleles ($F < 0$) varied over the years: in 2014 recessive genes (effects) slightly exceeded, in 2015 dominant ones did, and in 2016 almost uniform distribution of dominant and recessive alleles between the parent components was observed. High values of the heritability coefficient in a broad sense ($H^2 = 0.96-0.98$) attest to significant conditionality of phenotypic variability by genetic factors, and high values of the heritability coefficient in a narrow sense ($h^2 = 0.61-0.65$) do to the contribution of additive effects of genes.

Significant contribution of additive effects of genes and indices of coefficients heritability give grounds to predict the efficiency of selections for increase of the trait in hybrid material developed. At the same time, the prevalence of dominant effects in most years causes the necessity of sufficient sample of material and the rationality of carrying out a "hard" selection for the phenotype in later generations.

As effective sources for increasing the spike length in combination breeding the varieties *Virazh*, *KWS Aliciana*, *KWS Bambina* should be used.

Key words: spring barley, variety, main spike length, diallel crosses, combining ability, genetic parameters, genetic sources