

СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ МАСИ ЗЕРНА З ГОЛОВНОГО КОЛОСА ЯЧМЕНЮ ЯРОГО

В. М. Гудзенко, кандидат сільськогосподарських наук
Миронівський інститут пшениці імені В. М. Ремесла НААН

Наведено результати досліджень комбінаційної здатності та параметрів генетичної варіації за масою зерна з головного колоса сучасних сортів ячменю ярого і F_1 повної (7 x 7) діалельної схеми схрещувань. Виявлені селекційно-генетичні особливості дозволяють прогнозувати ефективність доборів, спрямованих на збільшення ознаки у створеному гібридному матеріалі. Враховуючи переважання домінантних ефектів генів та наддомінування у генетичному контролі маси зерна з головного колоса, ефективнішими будуть добори у більш пізніх гібридних поколіннях. За стабільно високими ефектами загальної комбінаційної здатності виділено сорти KWS Aliciana та Віраж, які слід використовувати у комбінаційній селекції як генетичні джерела на підвищення продуктивності колоса.

Ключові слова: ячмінь ярий, маса зерна з головного колоса, діалельні схрещування, комбінаційна здатність, генетичні параметри.

Постановка проблеми. Для ефективної планомірної селекційної роботи з ячменем ярим, як і власне будь-якою іншою культурою, необхідна достатня кількість генетичних джерел певного рівня прояву основних господарсько цінних ознак та максимальна інформація щодо їх генетичного контролю. Маса зерна з колоса – одна з важливих кількісних ознак пов'язаних з продуктивністю рослини ячменю ярого. У свою чергу вона є складовою двох інших елементів – кількості зерен з колоса і маси зернівки, яку прийнято виражати через показник маси 1000 зерен. Враховуючи родову специфіку *Hordeum L.* – одноквітковість колосків [1], кількість зерен з колоса ячменю може змінюватись, залежно від його довжини і щільності, а також частки фертильних квіток. Як обидві складові (кількість зерен з колоса і маса 1000 зерен), так і результуюча ознака (маса зерна з колоса), можуть варіювати у рівні фенотипового прояву, залежно від генетичних особливостей та взаємодії генотипу з умовами навколишнього середовища. Враховуючи наведене, дослідження селекційно-генетичних особливостей сучасних сортів ячменю ярого за продук-

тивністю колоса у конкретних екологічних умовах та виділення джерел підвищеної комбінаційної здатності є актуальними для практичної селекції цієї культури.

Аналіз актуальних досліджень. Селекційно-генетичним дослідженням маси зерна з (головного) колоса присвячена низка публікацій вітчизняних і зарубіжних авторів. Останніми роками у системі діалельних схрещувань комбінаційну здатність різноманітного генетичного матеріалу за елементами структури урожаю, у тому числі за даною ознакою, досліджували в умовах Східного Лісостепу України [2, 3], а також на ґрунтах з підвищеною кислотністю Правобережного Лісостепу України [4].

При оцінці діалельних гібридів за параметрами генетичної варіації Л. И. Королева виявила переважання адитивних ефектів над домінантними, а також домінування у генетичному контролі маси зерна з головного колоса [5]. У дослідженні з іншим набором зразків цей же автор відмічає вже перевагу домінантних ефектів та над домінування [6]. А. А. Усикова також повідомляє про переважання домінантних ефектів і над домінування як в цілому в системі, так і в окремих локусах [7]. Переважання домінантних ефектів виявлено і при залученні до діалельних схрещувань форм з різним проявом остистості [8], контрастними різновидністними ознаками [9, 10], а також сортів з різним вмістом білка [11, 12]. Такі ж закономірності відмічено і при дослідженні діалельних гібридів за умов підвищеної кислотності ґрунтів [13]. Перевагу домінантних ефектів відмічають і деякі зарубіжні дослідники [14]. Водночас при дослідженні зразків з різними якісними показниками крохмалю виявлено певне переважання адитивних ефектів генів [15].

Таким чином, навіть незначна кількість проаналізованих літературних джерел містить неоднозначні дані щодо генетичного контролю маси зерна з головного колоса, що, очевидно, зумовлено різним генетичним матеріалом залученим до схрещувань, а також місцем та умовами проведення досліджень.

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

Методика досліджень. Дослідження проведено 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 насіннєзнавства і сортовивчення НААН)) та зарубіжної (KWS Aliciana, KWS Bambina (DEU); Zhana, Explorer (FRA)) селекції. Рослини батьківських форм та F_1 вирощували у польових умовах у 2014-2016 рр. у триразовій повторності. Масу зерна з головного колоса визначали для батьківських компонентів і гібридних комбінацій з кожного повторення. Дисперсійний аналіз проводили згідно з Б.А. Доспеховим [16]. Комбінаційну здатність і генетичні параметри розраховували відповідно до М.А. Федина, Д.Я. Силиса, А.В. Смиряєва [17]. Для розрахунків використовували програми Excel 2010 та Statistica 8.0.

Виклад основного матеріалу. Таблиця 1 характеризує середнє значення маси зерна з головного колоса залучених у схрещування сортів та гібридів з їх участю. Наявні достовірні відмінності як між компонентами схрещування, так і між F_1 . Максимальний рівень прояву ознаки відмічено у сортів KWS Aliciana, Віраж, KWS Bambina.

Таблиця 1

Рівень прояву маси зерна з головного колоса у компонентів схрещування та F_1 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	1,82	1,98	1,70	1,93	1,59	1,76	1,70	1,89
KWS Bambina	1,69	1,93	1,66	1,87	1,43	1,67	1,59	1,83
Zhana	1,61	1,90	1,52	1,83	1,47	1,64	1,53	1,79
Explorer	1,55	1,88	1,52	1,86	1,39	1,62	1,49	1,79
Командор	1,58	1,83	1,46	1,71	1,45	1,55	1,50	1,70
Талісман	1,25	1,66	1,18	1,60	1,08	1,45	1,17	1,57
Віраж	1,68	1,99	1,57	1,92	1,51	1,73	1,59	1,88
Середнє	1,60	1,88	1,52	1,82	1,42	1,63	1,51	1,78
HP_{05}	0,05	0,04	0,07	0,09	0,03	0,04	-	-

Характеристику досліджених сортів за ефектами ЗКЗ, константами СКЗ та варіансами ЗКЗ і СКЗ наведено у таблицях 2 і 3. За стабільно високим рівнем ефектів ЗКЗ у всі роки досліджень вирізнялися сорти: KWS Aliciana (0,12–0,15) та Віраж (0,12–0,13). Нижчі, порівняно з названими, але статистично достовірні позитивні ефекти ЗКЗ відмічено у сорту KWS Bambina (0,05–0,07). Статистично в межах середнього значення (нуля) ефекти ЗКЗ мали сорти Zhana та Explorer.

Таблиця 2

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	0,12	0,13	0,15	0,01	0,02	0,02	0,00	0,00	0,00
KWS Bambina	0,06	0,07	0,05	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Zhana	0,02	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Explorer	0,00	0,05	-0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Командор	-0,06	-0,13	-0,09	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00
Талісман	-0,27	-0,27	-0,22	0,07	0,07	0,05	0,00	0,00	0,00
Віраж	0,13	0,13	0,12	0,02	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00
НІР ₀₅ (gi)	0,01	0,03	0,01	-	-	-	-	-	-
НІР ₀₁ (gi)	0,02	0,04	0,02	-	-	-	-	-	-
НІР ₀₅ (gi-gj)	0,02	0,05	0,02	-	-	-	-	-	-
НІР ₀₁ (gi-gj)	0,03	0,06	0,03	-	-	-	-	-	-

Примітка: * – роки досліджень.

Таблиця 3

Константи специфічної комбінаційної здатності

Сорти	Рік	KWS Aliciana	KWS Bambina	Zhana	Explorer	Командор	Талісман
1	2	3	4	5	6	7	8
KWS Bambina	2014	-0,02					
	2015	-0,07					
	2016	-0,06					

Продовження табл. 3

1	2	3	4	5	6	7	8
Zhana	2014	0,02	-0,01				
	2015	0,03	0,00				
	2016	0,04	-0,01				
Explorer	2014	0,07	0,00	-0,02			
	2015	0,03	0,05	0,02			
	2016	0,05	-0,01	0,03			
Командор	2014	0,01	0,01	0,01	-0,04		
	2015	-0,04	-0,01	0,01	0,00		
	2016	-0,04	0,06	-0,01	-0,07		
Талісман	2014	0,01	0,04	-0,03	-0,02	-0,04	
	2015	0,05	0,03	-0,02	-0,05	-0,04	
	2016	0,05	-0,02	-0,07	0,04	0,02	
Віраж	2014	-0,09	-0,02	0,02	0,00	0,02	0,04
	2015	0,00	0,00	-0,04	-0,05	0,07	0,02
	2016	-0,04	0,04	0,02	-0,04	0,05	-0,02

Примітка: 2014 р.: $HIP_{05} -0,03$, $HIP_{01} -0,04$; 2015 р.: $HIP_{05} -0,06$, $HIP_{01} -0,08$; 2016 р.: $HIP_{05} -0,03$, $HIP_{01} -0,03$

Результати дисперсійного аналізу діалельних таблиць вказують на достовірність параметра b , що характеризує ефекти домінування у локусах (табл. 4). 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. Це підтверджується значенням параметра $H_2/4H_1$, яке не рівне 0,25 (табл. 5). Таким чином, можна стверджувати, що середній квадрат параметра a оцінює загальну генетичну варіацію. Компоненти d та c вказують на незначний, але достовірний рівень реципрокних відмінностей та материнських ефектів, відповідно.

**Дисперсійний аналіз діалельних таблиць
за масою зерна з головного колоса**

Компоненти варіації	df	2014 р.		2015 р.		2016 р.	
		ms	F	ms	F	Ms	F
a	6	0,62	1017,79**	0,68	257,78**	0,54	1066,94**
b	21	0,09	142,01**	0,10	37,76**	0,06	122,82**
b ₁	1	1,48	2423,72**	1,62	613,99**	0,84	1669,57**
b ₂	6	0,03	49,89**	0,05	18,61**	0,04	78,13**
b ₃	14	0,01	18,51**	0,01	4,81**	0,02	31,50**
c	6	0,01	12,31**	0,01	2,21*	0,00	7,27**
d	15	0,00	2,42**	0,01	2,29**	0,00	2,81**

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

Розглядаючи детальніше компоненти генетичної варіації, відмітимо, що в усі роки досліджень домінантні ефекти генів (H_1 і H_2) у 1,92-3,00 рази переважали над адитивними (D) (табл. 5). Показники середнього ступеня домінування у цілому в досліді (H_1/D) та середнього ступеня домінування в локусах ($\sqrt{H_1/D}$) інформують про наддомінування в усі роки досліджень. Однак, співвідношення $1/2F/\sqrt{[(D(H_1-H_2))]}$, яке суттєво відрізняється від 1,0, вказує на неоднаковий середній ступінь домінування у різних локусах. Показник відносної частоти розподілу домінантних і рецесивних алелів ($F < 0$) свідчить про кількісну перевагу (прояв) у всі роки рецесивних генів (ефектів). Це підтверджується і відношенням загальної кількості домінантних генів до загальної кількості рецесивних генів у всіх залучених до схрещувань сортів, що характеризує параметр $(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$.

Величина співвідношення h_2/H_2 вказує, що 4-5 генів (груп генів) виявили ефекти домінування. Коефіцієнт кореляції суми коваріанс і варіанта середнього рівня прояву ознаки ($r[(W_r + V_r); x_i]$) у всі роки свідчить про направленість домінування в сторону збільшення ознаки. Тобто ознаку збільшували переважно домінантні гени. Це підтверджує і параметр $F_1 - P$. Коефіцієнт успадкованості в широкому розумінні мав високі показники у всі роки досліджень ($H_2 = 0,949 - 0,986$), що вказує

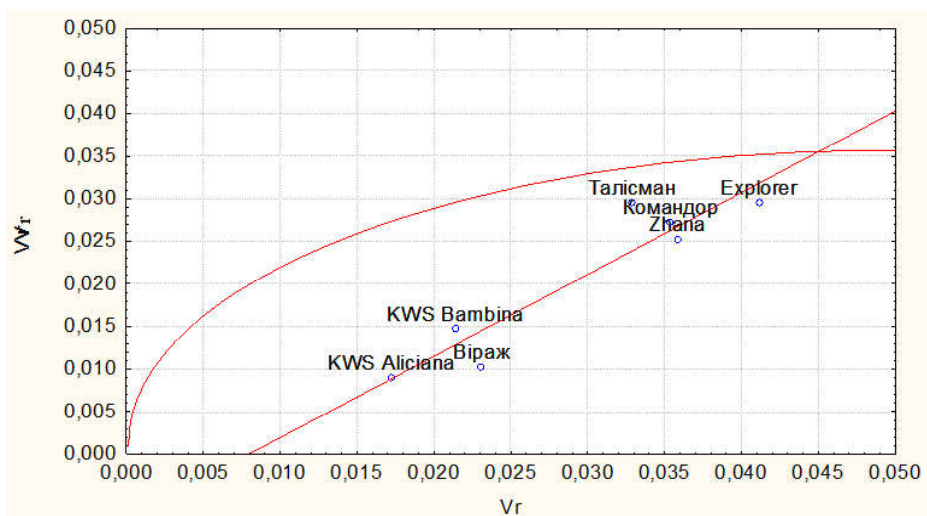
на визначальну обумовленість фенотипової мінливості генетичними особливостями досліджених форм. Значення коефіцієнта успадкованості у вузькому ($h_2 = 0,663-0,704$) свідчать про вагомий адитивний вклад у генетичний контроль ознаки.

Таблиця 5

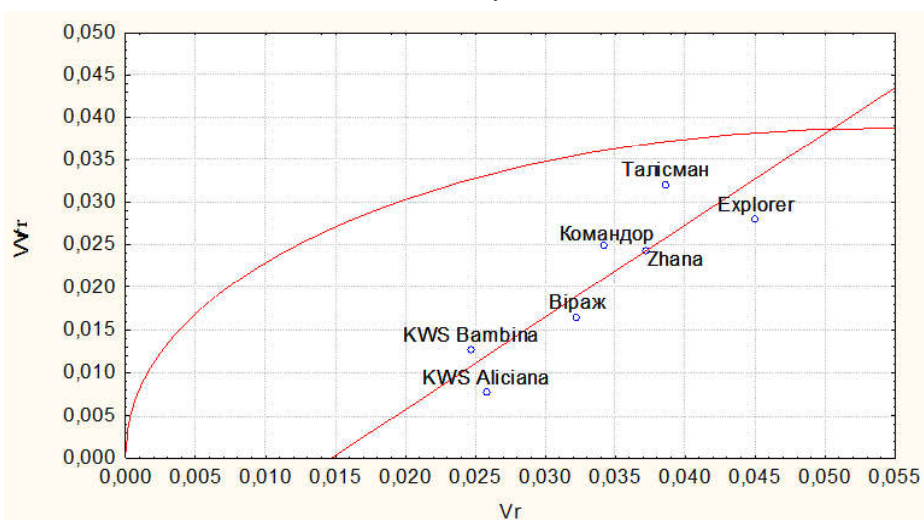
Компоненти генетичної варіації та коефіцієнти успадкованості за масою зерна з головного колоса

Генетичні компоненти	2014 р.	2015 р.	2016 р.
D	0,031	0,027	0,026
H ₁	0,065	0,075	0,050
H ₂	0,058	0,065	0,041
F	-0,021	-0,027	-0,015
H ₁ /D	2,121	2,766	1,897
$\sqrt{(H_1/D)}$	1,457	1,663	1,377
$1/2F/\sqrt{([D(H_1-H_2)])}$	-0,715	-0,809	-0,487
$(\sqrt{(4DH_1)+F})/(\sqrt{(4DH_1)-F})$	0,615	0,537	0,654
h_2/H_2	5,694	5,540	4,548
$H_2/4H_1$	0,222	0,215	0,204
$r[(W_r+V_r)_1;x_1]$	-0,715±0,313	-0,776±0,282	-0,722±0,310
F1-P	0,287	0,300	0,216
H ²	0,986	0,949	0,986
h ²	0,663	0,633	0,704

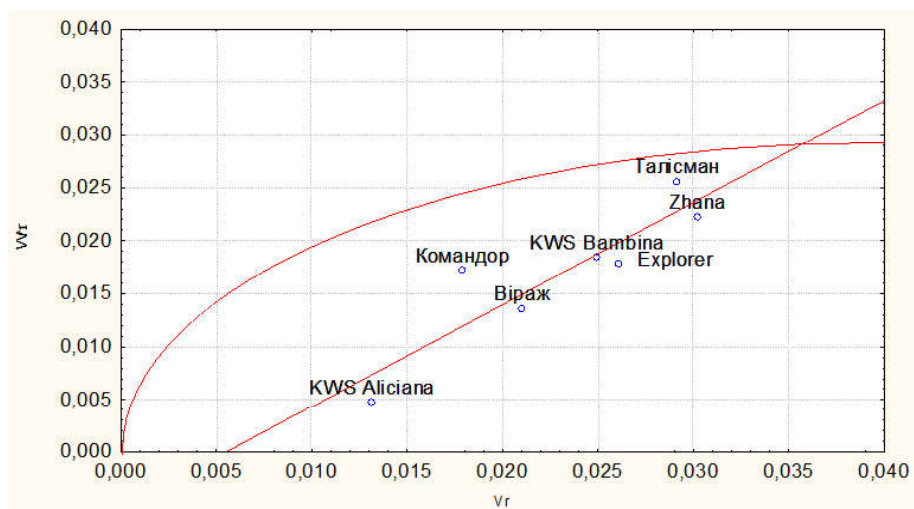
Графічний аналіз регресії коваріанси (W_r) на варіансу (V_r) підтверджує і доповнює інформацію генетичних компонентів щодо наддомінування у досліді (рис. 1). За відносним співвідношенням домінантних і рецесивних алелів слід виділити сорт *KWS Aliciana*, який стабільно знаходився у домінантній зоні. Для інших сортів характерним було певне перевизначення ефектів генів за роками досліджень.



2014 р.



2015 р.



2016 р.

Рис 1. Графіки регресії W_r / V_r для ознаки «маса зерна з головного колоса», 2014–2016 рр.

Висновки. Виявлені селекційно-генетичні особливості за ознакою «маса зерна з головного колоса» дозволяють прогнозувати ефективність доборів, спрямованих на збільшення ознаки у створеному гібридному матеріалі. Однак, враховуючи переважання домінантних ефектів генів та наддомінування в генетичному контролі ознаки, ефективнішими будуть добори у більш пізніх гібридних поколіннях. Як генетичні джерела для збільшення маси зерна з головного колоса у комбінаційній селекції слід використовувати сорти *KWS Aliciana* та *Віраж*.

Список використаних джерел:

1. Трофимовская А. Я. Ячмень (эволюция, классификация, селекция) / А.Я. Трофимовская. – Л. : Колос, 1972. – 296 с.
2. Козаченко М.Р. Особливості комбінаційної здатності за кількісними ознаками різновидностей ячменю ярого / М.Р. Козаченко, П.М. Козаченко, Н.І. Васько // Селекція і насінництво. – 2011. – Вип. 99. – С. 53–66.
3. Козаченко М.Р. Особливості сортів ячменю ярого за загальною та специфічною комбінаційною здатністю і співвідношенням їх варіанс / М.Р. Козаченко, К.В. Компанець // Селекція і насінництво. – 2017. – Вип. 111. – С. 61–74.
4. Маренюк О.Б. Оцінка комбінаційної здатності вихідного матеріалу ячменю ярого в системі діалельних схрещувань / О.Б. Маренюк // Вісник Сумського НАУ. – 2014. – Вип. 9 (28). – С. 153–155.
5. Королева Л. И. Наследование количественных признаков у F1 гибридов ячменя в диаллельных скрещиваниях / Л. И. Королева // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 1982. – Т. 73, Вып. 3. – С. 60–65.
6. Королева Л.И. Генетические источники элементов продуктивности сортов ячменя / Л.И. Королева // Генетика и селекция ржи и зернофуражных культур : Сборник научных трудов по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 1985. – Т. 95. – С.45–50.
7. Усикова А.А. Изучение генетических свойств сортов ярого ячменя с использованием диаллельных скрещиваний / А. А. Усикова // Цитология и генетика. – 1975. – Т. 9, № 2. – С. 110–115.
8. Козаченко М.Р. Селекційно-генетичні особливості форм ячменю ярого з різним проявом остистості / М. Р. Козаченко, Н. В. Іванова // Селекційно-генетичні дослідження ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. – Харків, 2012. – С. 318–326.
9. Козаченко М.Р. Селекційно-генетичні особливості різновидностних форм ячменю ярого / М.Р. Козаченко, П.М. Солонечний, Н.І. Васько // Селекція і насінництво. – 2010. – Вип. 98. – С. 53–67.
10. Козаченко М. Р. Селекційно-генетичні особливості різновиднісних форм ячменю ярого за кількісними ознаками в F1 і F2 гібридів від діалельних схрещувань / М. Р. Козаченко, П. М. Солонечний // Селекційно-генетичні дослідження ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. – Харків, 2012. – С. 194–200.
11. Важеніна О. Є. Генетичні компоненти, успадковуваність і кореляції ознак продуктивності та вмісту білка у гібридів ячменю ярого / О. Є. Важеніна, М. Р. Козаченко, Н. І. Васько // Генетичні ресурси рослин. – 2008. – № 5. – С. 169–176.
12. Козаченко М. Р. Компоненти генетичної дисперсії, успадковуваність ознак продуктивності та вмісту білку у гібридів ячменю ярого / М. Р. Козаченко, О. Є. Важеніна // Генетичні закономірності селекції ячменю ярого : за ред. М.Р. Козаченка. – Харків, 2016. – С. 146–152.

13. Маренюк О.Б. Генетична обумовленість кількісних ознак продуктивності та якості зерна сортів ячменю ярого / О.Б. Маренюк // Таврійський науковий збірник. – 2015. – Вип. 90. – С. 69–76.
14. Shendy M.Z. Gene action and path coefficient studies for yield and yield components of some barley crosses / M.Z. Shendy // Egypt. J. Plant Breed. – 2015. – V. 19(4). – P. 1155–1166.
15. Козаченко М.Р. Селекційно-генетичні особливості ячменю з різним вмістом амілопектину в крохмалі за компонентами генетичної дисперсії (варіації) / М.Р. Козаченко, О. Г. Наумов // Генетичні закономірності селекції ячменю ярого : за ред. М. Р. Козаченка. – Харків, 2016. – С. 234–242.
16. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). Изд. 5-е, доп. и перераб. / Б.А. Доспехов // М. : Агропромиздат, 1985. – 351 с.
17. Федин М.А. Статистические методы генетического анализа / М.А. Федин, Д.Я. Силис, А.В. Смиряев. – Москва : Колос, 1980. – 207 с.

В. Н. Гудзенко. Селекционно-генетический анализ массы зерна с главного колоса ячменя ярового.

Приведены результаты исследований комбинационной способности и параметров генетической вариации по массе зерна с главного колоса современных сортов ячменя ярового и F1 полной (7 x 7) диаллельной схемы скрещиваний. Выявленные селекционно-генетические особенности позволяют прогнозировать эффективность отборов, направленных на увеличение признака в созданном гибридном материале. Принимая во внимание превалирование доминантных эффектов генов и сверхдоминирование в генетическом контроле массы зерна с главного колоса, более эффективными будут отборы в более поздних гибридных поколениях. По стабильно высоким эффектам общей комбинационной способности выделены сорта KWS Aliciana и Виразж, которые следует использовать в комбинационной селекции как генетические источники на повышение продуктивности колоса.

Ключевые слова: ячмень яровой, масса зерна с главного колоса, диаллельные скрещивания, комбинационная способность, генетические параметры.

V. M. Hudzenko. Selection-genetic analysis of grain weight per main spike in spring barley.

The results of estimation of combining ability and parameters of genetic variation by grain weight per main spike in spring barley modern varieties and F1 of full (7 x 7) diallel scheme of crossing are given. Selection-genetic peculiarities revealed allow predicting efficiency of selections aimed at increasing the trait in hybrid material created. Taking into account prevalence of dominant effects of genes and overdominance in genetic control of grain weight per main spike, the selections in later hybrid generations will be more effective. The varieties KWS Aliciana and Virazh have been identified for stable high effects of total combining ability, which should be used in combination breeding as genetic sources for enhancing spike productivity.

Key words: spring barley, grain weight per main spike, diallel crosses, combining ability, genetic parameters, genetic sources.