

СТАБІЛЬНІСТЬ УРОЖАЙНОСТІ КОЛЕКЦІЙНИХ ЗРАЗКІВ ЯЧМЕНЮ ЯРОГО (*HORDEUM VULGARE* L.) В УМОВАХ ЦЕНТРАЛЬНОЇ ЧАСТИНИ ЛІСОСТЕПУ УКРАЇНИ

В.М. Гудзенко¹, Т.П. Поліщук¹, О.С. Дем'янюк², О.О. Бабій¹, А.А. Лисенко¹

¹ Миронівський інститут пшениці імені В.М. Ремесла НААН

(с. Центральне, Обухівський р-н, Київська обл., Україна)

e-mail: barley22@ukr.net; ORCID: 0000-0002-9738-1203

e-mail: polistchuk.tetiana@gmail.com; ORCID: 0000-0001-9358-9181

e-mail: olha.gerste@gmail.com; ORCID: 0000-0003-3395-3732

e-mail: lisenkoana89@gmail.com; ORCID: 0000-0002-2575-5720

² Інститут агроекології і природокористування НААН (м. Київ, Україна)

e-mail: demolena@ukr.net; ORCID: 0000-0002-4134-9853

Дослідження проведено в Миронівському інституті пшениці імені В.М. Ремесла НААН у 2018–2020 рр. Оцінювали за врожайністю та її стабільністю 96 колекційних зразків походженням з 15 країн світу. Встановлено, що середнє значення врожайності усієї вибірки досліджених зразків за роками варіювало від 265 г/м² у 2018 р. до 447 г/м² у 2020 р. Різниця між мінімальною і максимальною врожайністю зразків у межах окремих років становила: 2018 р. — 388 г/м², 2019 р. — 522, 2020 р. — 440 г/м². Таким чином, встановлено, що досліджені генотипи істотно різнились за рівнем прояву врожайності, як у межах року, так і у розрізі років досліджень. Це підтверджує і висока частка внеску генотипу у загальній дисперсії — 36,73%. Виділено 15 зразків, що у середньому за три роки переважали стандарт Вірець за врожайністю. Оптимальний рівень урожайності у контрастні за погодними умовами роки мали генотипи Almonte (CAN), Смарагд (UKR), Skald (POL) та Vienna (AUT). Ці зразки є найціннішими генетичними джерелами для використання в селекційній роботі в умовах центральної частини Лісостепу України. Зразки Suveren (POL), Крок (UKR), Кортган (POL), Северянин (RUS), Аверс (UKR), Тівер (UKR), Дар Носівщини (UKR), Skarb (POL), AC Alma (CAN), Despina (DEU), Glacier AL.38 (GBR) характеризувались різною реакцією на контрастні за погодними умовами роки досліджень. Тому при залученні їх до гібридизації в якості батьківських компонентів доцільним буде комбінований підхід як за еколого-географічним принципом, так і з урахуванням рівня прояву врожайності, залежно від умов років досліджень. З метою більш об'єктивної оцінки взаємодії генотип–середовище і добору генотипів з оптимальним поєднанням врожайності та стабільності доцільно комбінувати статистичні (графічні) моделі, які різняться за принципами оцінювання генотипів.

Ключові слова: *Hordeum vulgare* L., колекційний зразок, гомеостатичність, селекційна цінність, АММІ.

ВСТУП

Ячмінь (*Hordeum vulgare* L.) — одна з основних сільськогосподарських культур світу. Доведено визначальну роль у збільшенні врожайності культури створення і впровадження нових сортів [1]. Успіх селекційної роботи безпосередньо пов'язаний із наявністю достатньої кількості генетично різноманітного вихідного матеріалу. Саме

тому проблема інтродукції, дослідження та залучення в селекційний процес нового генетичного різноманіття ніколи не втрачала своєї актуальності, а у зв'язку з інтенсифікацією селекції та глобальними змінами клімату набуває підвищеної значущості [2].

Однією з ключових проблем в аспекті селекційно-генетичного підвищення потенціалу врожайності та її стабільності є взаємодія генотип–середовище [3].

Взаємодія генотип–середовище — частка фенотипової варіації, що виникає внаслідок невідповідності генетичних та негенетичних ефектів. Тобто при дослідженні генотипів у різних умовах відбувається зміна рангів за рівнем прояву ознаки у зв'язку з їх реакцією на умови середовища. У зв'язку з цим, одні й ті самі генотипи можуть мати різну цінність у різних екологічних нішах [4]. Таким чином, добір генотипів в одних умовах може не забезпечувати їх перевагу в інших умовах. Тому навіть для ідентифікованих генетичних джерел необхідним є всебічне дослідження за основними ознаками і властивостями в умовах проведення подальшої селекційної роботи. Це сприяє зменшенню нагромадження неперспективного матеріалу, що має місце при залученні до схрещувань генотипів одразу, без ґрунтового їх дослідження.

АНАЛІЗ ОСТАННІХ ДОСЛІДЖЕНЬ І ПУБЛІКАЦІЙ

Фенотиповий рівень прояву ознак є результатом численних взаємодій генетичної системи рослинного організму та зовнішніх умов [5]. Рослини різняться за ефективністю засвоювати та конвертувати ресурси середовища в біомасу органів, що становлять кінцевий продукт — фенотип. Генотипи, які забезпечують відносно стабільний рівень фенотипового прояву ознак у різних середовищах, характеризуються широкою адаптацією. Генотипи, які переважають інші лише в певних умовах, є специфічно адаптованими. Специфічна адаптація тісно пов'язана з феноменом взаємодії генотипу і середовища. З розвитком молекулярної генетики виникло два аспекти досліджень цієї проблеми. Перший — визначення взаємодії QTL (локуси кількісних ознак) — середовище, тобто на скільки виявлені QTL залежать від умов середовища [6]. Другий — ідентифікація QTL, пов'язаних з фенотиповою пластичністю або стабільністю [7]. На основі ґрунтовних досліджень зроблено припущення, що QTL, пов'язані з адаптивним потенціалом, розміщені по всьому геному ячменю [8]. Водночас існують публікації, які критично ставляться

до можливості ідентифікації дискретних генів чи окремих QTL, пов'язаних з адаптивністю, і вказують на визначальну роль епігенетичної регуляції в адаптивних реакціях рослинних організмів, або екологічну організацію складних ознак [9].

Для інтерпретації експериментальних даних генотип–середовищних випробувань слід використовувати найбільш інформативні статистичні моделі оцінки, а якісний аналіз цього явища лежить в основі результативності селекції [10]. З цією метою, у різних країнах світу дослідниками широко використовуються для оцінювання генотипів ячменю як статистичні методики оцінки пластичності і стабільності [11–13], так і графічні моделі, зокрема АММІ (additive main effects and multiplicative interactions) [14–19]. Ця модель поєднує дисперсійний аналіз та сингулярний розподіл і дає можливість візуально зображати адитивні компоненти головних ефектів генотипів і середовищ, а також мультиплікативну їх взаємодію у двокомпонентному просторі (biplot) [20–22].

З огляду на це, мета досліджень полягала у виявленні особливостей варіювання врожайності колекційних зразків ячменю ярого різного екологічного походження у контрастні за погодними умовами роки в умовах центральної частини Лісостепу України і виділенні генетичних джерел поєднання врожайності та її стабільності для використання в селекційному процесі.

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дослідження проведено в умовах Миронівського інституту пшениці імені В. М. Ремесла НААН у 2018–2020 рр. Географічні координати: широта — 49°64', довгота — 31°08', висота над рівнем моря — 153 м. Ґрунт — чорнозем глибокий, малогумусний, слабовилугований. Потужність гумусового горизонту сягає 38–40 см. Має високу та середню забезпеченість елементами мінерального живлення і відзначається слабокислою, близькою до нейтральної реакцією ґрунтового розчину, рН сольове — 5,1–6,6. Вміст гумусу 3,7–3,9%, лужногід-

ролізованого азоту – 55–64 мг, фосфору – 205–238 мг, обмінного калію – 82–110 мг на 1 кг ґрунту. Питома частка твердої фази ґрунту знаходиться в межах 2,62–2,71 г/см³. Об'ємна маса ґрунту за профілем не перевищує 1,29 г/см³, орного шару – 1,27 см³. 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 світу (рис. 1).

Генетичне різноманіття представлено двома підвидами (шестирядним та дворядним), двома групами різновидностей (плівчасті та голозерні) і загалом дев'ятьма різновидностями (*var. deficiens*, *var. inerme*, *var. medicum*, *var. nudum*, *var. nigrinudum*, *var. nutans*, *var. pallidum*, *var. rikotense*, *var. submedicum*). Зразки отримано з Національного центру генетичних ресурсів рослин України у рамках виконання Програми наукових досліджень Національної академії аграрних наук відповідно до завдань другого рівня в 2016–2020 рр. (№№ держреєстрації 0116U004013 та 0119U100208). Інтродуковані нові колекційні зразки після попереднього вивчення і «демаркації» за врожайністю та іншими цінними господарськими ознаками в 2017 р. були включені в дослід. Номери висівали сівалкою СКС-6-10Ц за настання фізичної стиглості ґрунту в триразовій повторності. Розміщення ділянок рандомізоване. Облікова площа ділянки – 1 м². Стандарт – сорт

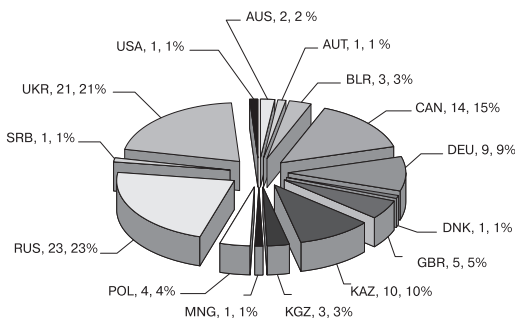


Рис. 1. Розподіл колекційних зразків ячменю ярого за країнами походження, шт., %

ячменю ярого Взірець розміщували через 20 номерів.

Для статистичного аналізу експериментальних даних використали комп'ютерні програми Microsoft Excel 2010 і Statistica 12. Відповідно до В.В. Хангільдіна, М.А. Литвиненка [23] визначали показники гомеостатичності (Hom) та селекційної цінності (Sc). Для наочної інтерпретації взаємодії генотип–середовище і диференціації генотипів за врожайністю та стабільністю використали АММІ модель. Для побудови графічних візуалізацій використали програму GEA-R.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

Погодні умови передпосівного періоду та впродовж вегетації різнились за роками досліджень, а також варіювали відносно середніх багаторічних значень (за даними агрометеостанції Миронівка). Коливання показників гідротермічного режиму наочно характеризує коефіцієнт істотності відхилень фактичних метеоданих від середніх багаторічних. За температурою повітря цей показник вказує на загальну тенденцію до відхилення в сторону її підвищення (рис. 2). Особливо критичними, зі значними відхиленнями у 2018 р. були квітень і травень, меншою мірою червень,

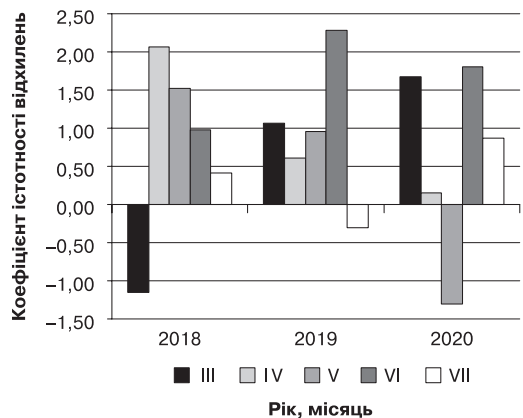


Рис. 2. Коефіцієнт істотності відхилень температури повітря від середнього багаторічного значення у передпосівний та вегетаційний періоди ячменю ярого, 2018–2020 рр.

у 2019 р. — червень, менше — березень і травень, у 2020 р. — березень і червень.

За період досліджень, як виняток, істотні відхилення середньомісячної температури повітря в сторону її пониження відмічено лише у березні 2018 р. і травні 2020 р. У той самий час, за середньомісячною сумою опадів можемо спостерігати практично пряму протилежну закономірність (рис. 3). Загальна тенденція свідчить про зменшення кількості опадів у більшості місяців за роки досліджень.

Середнє значення врожайності усієї вибірки досліджених зразків за роками мало коливання від 265 г/м² у 2018 р. до 447 г/м² у 2020 р. У 2019 р. середня врожайність становила 391 г/м². У той самий час, на рис. 4 добре помітний значний розмах варіювання зразків у межах окремих років. Так, у 2018 р. різниця між мінімальною і максимальною врожайністю окремих зразків становила 388 г/м² (від 67 г/м² до 455 г/м²), у 2019 р. мінливість була найбільшою — 522 г/м² (від 113 г/м² до 635 г/м²), а в 2020 р. сягала 440 г/м² (від 173 г/м² до 612 г/м²).

Дисперсійним аналізом встановлено переважання в загальній дисперсії умов середовища — 49,10%. Однак, слід звернути увагу на високу частку внеску генотипу — 36,73%. Взаємодія генотип–середовище була істотною і становила 14,17%.

Таким чином, отримані результати вказують, що досліджені генотипи істотно різнилися між собою за рівнем прояву вро-

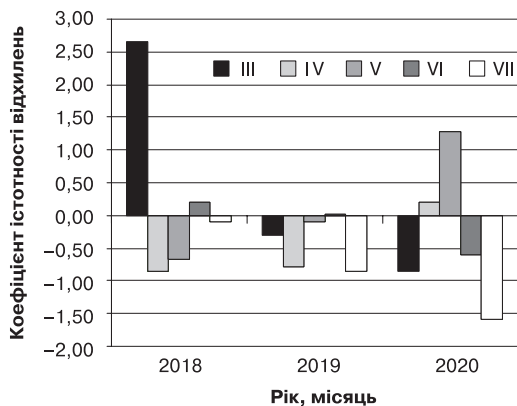


Рис. 3. Коefіцієнт істотності відхилень суми опадів від середнього багаторічного значення в передпосівний та вегетаційний періоди ячменю ярого, 2018–2020 рр.

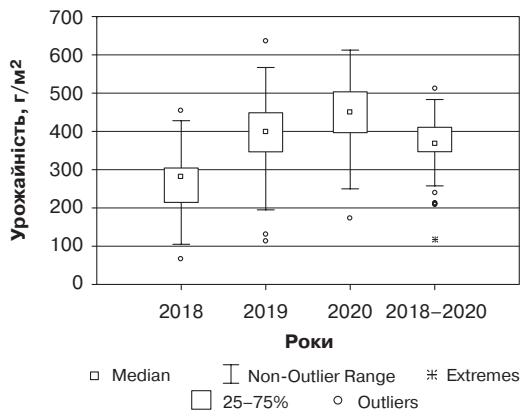


Рис. 4. Урожайність колекційних зразків ячменю ярого

Таблиця 1. Дисперсійний аналіз АММІ моделі за врожайністю колекційних зразків ячменю ярого, 2018–2020 рр.

Фактор варіації	Сума квадратів	Число ступенів волі	Середній квадрат	Частка внеску до варіації, %
Генотип	3796112,72	96	39542,84	36,73**
Середовище	5075372,83	2	2537686,41	49,10**
Взаємодія	1465060,06	192	7630,52	14,17**
Factor 1*	773243,78	97	7971,59	52,78**
Factor 2*	91816,28	95	7282,28	47,22**
Factor 3*	0	93	0	0
Залишки	298310,00	582	512,56	0

Примітка: * Factor 1...3 — головні компоненти; ** — достовірно на 1% рівні.

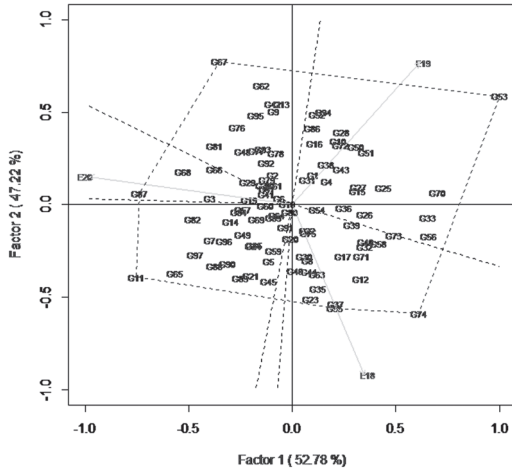


Рис. 5. Розподіл зразків ячменю ярого і років випробувань у координатах перших двох головних компонент

Примітка: на рис. генотипи позначено як G1...G97, роки випробувань – 2018 р. – E18, 2019 р. – E19, 2020 р. – E20.

жайності, як у межах року, так і у розрізі років досліджень.

Це доволі добре помітно при розподілі генотипів та років випробувань у просторі

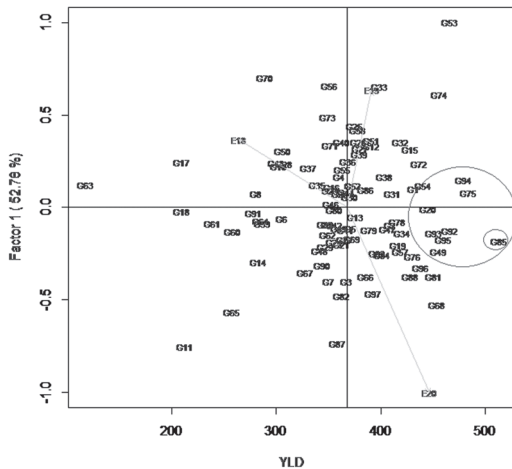


Рис. 6. Розподіл колекційних зразків ячменю ярого і років випробувань у координатах: перша головна компонента (Factor 1) та середня врожайність (YLD), 2018–2020 рр.

Примітка: на рис. генотипи позначено як G1...G97, роки випробувань – 2018 р. – E18, 2019 р. – E19, 2020 р. – E20.

перших двох головних компонент (рис. 5), які в цьому випадку охоплювали на 100% ефект взаємодії генотип–середовище. Пунктирними лініями, що виходять з основи біplot, його площина розділена на сектори.

Потрапляння до одного сектору як вектора середовища, так і певних генотипів вказує, що локалізовані у ньому зразки мали сильнішу реакцію на умови саме цього середовища (року). На верхівках полігональної фігури в секторах, які містять середовища і генотипи, розташовано зразки із найбільш вираженою реакцією на умови відповідних років досліджень. Зокрема сильною реакцією на умови E19 характеризувався зразок G53 Тівер (UKR), E18 – G74 Дар Носівщини (UKR), E20 – G87 Victorianna (DEU).

На рис. 6 представлено розподіл генотипів ячменю ярого у двокомпонентному просторі сформованому першою головною компонентою та середньою врожайністю. Вертикальна лінія на осі врожайності репрезентує її середнє значення для усіх зразків за три роки випробувань. Відповідно, зразки, які знаходяться праворуч від неї, мали вищу за середню врожайність у досліді.

У той самий час, згідно з АММІ біplot кращими є генотипи, які мають високу середню врожайність, а відносно осі першої головної компоненти повинні бути розташовані ближче до нульової позначки (на графіку відображено горизонтальною лінією, яка перетинає вісь середнього значення врожайності).

Зразки з такими характеристиками G85 Almonte (CAN), G75 Смарагд (UKR), G94 Skald (POL), G92 Vienna (AUT), G95 Suveren (POL), G49 Крок (UKR), G93 Kormoran (POL), G20 Северянин (RUS), G54 Аверс (UKR) окреслено колом. З них найбільший рівень врожайності мав G85 Almonte (CAN) (у малому колі). Зразки G53 Тівер (UKR), G74 Дар Носівщини (UKR), G81 Skarb (POL), G68 AC Alma (CAN), G96 Despina (DEU), G72 Glacier AL.38 (GBR) за середньою врожайністю були близькими до окреслених генотипів,

однак, сильніше зміщеними від середньої осі головної компоненти.

Характеристику зазначених вище колекційних зразків за рівнем урожайності, порівняно із стандартом, а також лімітами варіювання для усієї вибірки генотипів наведено в табл. 2.

Генотипи розміщено в порядку спадання за середньою врожайністю. Слід звернути увагу, що мінімальний коефіцієнт варіації ($V = 3,3\%$), максимальні показники гомеостатичності ($\text{Hom} = 1377$) та селекційної цінності ($\text{Sc} = 427$) мав сорт G74 Дар Носівщини (UKR). До того ж, ці значення були кращими для усієї вибірки (97 генотипів). Однак, як було відобра-

жено вище, цей сорт відповідно до АММІ biplot був зміщеним відносно оптимального рівня прояву врожайності в напрямку вектора середовища E18. На наш погляд, це може бути пов'язано з тим, що наведені статистичні параметри враховують лише величину та варіабельність урожайності (стандартне відхилення та (або) ліміти варіювання) окремого генотипу за роками. Графічна ж модель характеризує наскільки відповідною є реакція конкретного генотипу відносно зміни середнього значення усіх зразків у певному середовищі (році). Іншими словами вони охоплюють дещо різні аспекти щодо величини та варіації врожайності генотипів. Так, врожайність

Таблиця 2. Характеристика колекційних зразків ячменю ярого за врожайністю, гомеостатичністю та селекційною цінністю

Шифр	Зразок	Різновид	Країна	Урожайність, г/м ²				Статистичні параметри		
				E18	E19	E20	X	V	Hom	Sc
G1	Взірець – St	nutans	UKR	313	480	500	431	23,8	181	270
G85	Almonte	nutans	CAN	428	498	612	513	18,1	283	358
G75	Смарагд	nutans	UKR	403	498	549	483	15,3	316	355
G94	Skald	deficiens	POL	322	567	548	479	28,5	168	272
G92	Vienna	deficiens	AUT	329	502	567	466	26,4	177	271
G53	Тівер	nutans	UKR	340	635	422	466	32,8	142	249
G95	Suveren	deficiens	POL	288	518	572	460	32,8	140	232
G74	Дар Носівщини	nutans	UKR	455	471	441	456	3,3	1377	427
G49	Крок	nutans	UKR	360	442	564	455	22,5	203	291
G68	AC Alma	pallidum	CAN	303	451	607	453	33,6	135	226
G93	Kormoran	deficiens	POL	304	493	555	451	29,0	155	247
G81	Skarb	nutans	POL	290	475	587	450	33,3	135	222
G20	Северянин	nutans	RUS	364	449	522	445	17,7	251	311
G54	Аверс	nutans	UKR	347	472	503	441	18,8	235	304
G96	Despina	deficiens	DEU	344	414	558	438	24,9	176	270
G72	Glacier AL38	pallidum	GBR	305	513	490	436	26,1	167	260
Mean	—	—	—	265	391	447	368	28,2	167	216
Max	—	—	—	455	635	612	513	70,3	1377	427
Min	—	—	—	67	113	173	118	3,3	26	46
R	—	—	—	388	522	440	395	67	1350	381
HIP ₀₅	—	—	—	34	41	37	38	—	—	—

Примітка: роки випробувань позначено як 2018 р. – E18, 2019 р. – E19, 2020 р. – E20; X – середнє значення у зразка за три роки; Mean, Max, Min, R – середнє, максимальнє, мінімальнє значення у досліді (97 генотипів) та розмах варіювання ознаки, відповідно; V – коефіцієнт варіації,%; Hom – гомеостатичність; Sc – селекційна цінність.

G74 Дар Носівщини (UKR) була найвищою в середовищі E18, однак у E20 вона була навіть дещо (не достовірно) нижчою, ніж середня у досліді. У розрізі ж років, врожайність цього генотипу була практично на одному рівні. Таким чином, він не відреагував на загальне для усіх зразків збільшення урожайності в E19 і E20. Також слід звернути увагу, що врожайність цього зразка була нижчою порівняно із стандартом G1 Взірець (UKR) в E19 (недостовірно) і E20 (достовірно). Водночас високий рівень врожайності G74 Дар Носівщини (UKR) в умовах E18 і, як результат, вища за середнє значення в досліді, а також стандарт урожайності за три роки, вказують на його перспективність для використання в селекційному процесі.

Аналізуючи дані табл. 2 можемо відмітити, що лише зразки G85 Almonte (CAN), G75 Смарагд (UKR), G94 Skald (POL) та G92 Vienna (AUT) за врожайністю у кожному з років не поступалися як середньому значенню у досліді, так і стандарту. Решта зразків у окремі роки мали врожайність нижчу за стандарт, або ж і за середнє значення у досліді. Вищі за стандарт значення гомеостатичності та селекційної цінності, окрім зразка G74 Дар Носівщини (UKR), мали зразки G85 Almonte (CAN), G75 Смарагд (UKR), G49 Крок (UKR), G20 Северянин (RUS) та G54 Аверс (UKR). Зразки G94 Skald (POL), G92 Vienna (AUT) і G96 Despina (DEU) незначно поступалися стандарту за показником гомеостатичності і були на рівні, або незначно переважали його за показником селекційної цінності. Загалом, встановлено, що навіть зразки, які переважали решту за кращим поєднанням урожайності та стабільності відрізнялись за реакцією на умови різних за погодними умовами років досліджень. Це слід враховувати при залученні їх до схрещувань з метою створення нового вихідного матеріалу. Доцільним буде комбінований підхід до підбору батьківських компонентів, як за різним походженням (еколого-географічний принцип), так і за взаємодоповнюючою реакцією на різні умови років досліджень.

Узагальнюючи результати аналізу експериментальних даних із використанням АММІ та статистичних параметрів, очевидним є, що для ґрунтового оцінювання такого явища, як взаємодія генотип–середовище і виокремлення генотипів з оптимальним поєднанням рівня врожайності (чи інших ознак) і стабільності доцільним є використання статистичних підходів та (або) графічних моделей із різними математичними принципами розрахунків. Зокрема, як такими, що враховують середнє значення ознаки для усієї дослідженої вибірки, так і методами, які характеризують рівень прояву ознаки та її варіабельність у конкретного генотипу за різних умов середовищ. Графічні моделі (у цьому випадку АММІ) є більш практичними, порівняно з табличними даними, для візуальної диференціації великої вибірки досліджених генотипів.

Важливим результатом досліджень, з огляду розширення генетичного різноманіття вихідного матеріалу для селекції, є виділені зразки, походженням не лише з України, але й різних країн Західної Європи, Росії і, особливо, Канади. Не зважаючи на те, що останнім часом обмін генетичним матеріалом у світі відбувається досить активно, значна географічна віддаленість Північної Америки і, відповідно, інші кліматичні умови дають можливість передбачати зразки канадського походження як носії більш відмінної генетичної плазми, порівняно із зразками з європейського континенту.

ВИСНОВКИ

Виявлено істотні відмінності за адаптивними реакціями у досліджених 96 генотипів ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.) різного походження, на що вказують варіювання врожайності, а також співвідношення часток внеску в загальну дисперсію (середовище – 49,10%, генотип – 36,73%, взаємодія генотип–середовище – 14,17%).

Серед виділених 15 зразків, що у середньому за три роки мали вищу за стандарт Взірець врожайність, оптимальний її рівень у контрастні за погодними умовами

роки формували генотипи Almonte (CAN) та Смарагд (UKR), Skald (POL) та Vienna (AUT). Ці зразки є найбільш цінними генетичними джерелами для використання в селекційній роботі. Зразки Suveren (POL), Крок (UKR), Когмоган (POL), Северянин (RUS), Аверс (UKR), Тівер (UKR), Дар Носівщини (UKR), Skarb (POL), AC Alma (CAN), Despina (DEU), Glacier AL.38 (GBR) характеризувались різною реакцією на зміну умов років досліджень. Тому при залученні їх до гібридизації як батьків-

ських компонентів доцільним буде комбінований підхід як за різним походженням (еколого-географічний принцип), так і з урахуванням рівня прояву врожайності залежно від умов років досліджень.

З метою більш об'єктивної оцінки взаємодії генотип–середовище та добору генотипів з оптимальним поєднанням врожайності і стабільності доцільно комбінувати статистичні та (або) графічні моделі, які різняться за принципами оцінювання генотипів.

ЛІТЕРАТУРА

- Laidig F. 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 (11). P. 2411–2429. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2967-4>.
- Govindaraj M., Vetriventhana M. and Srinivasan M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genet. Res. Int.* 2015. Article ID 431487. DOI: <https://doi.org/10.1155/2015/431487>
- Hill J. Genotype-environment interaction – a challenge for plant breeding. *J. Agric. Sci.* 1975. Vol. 85 (3). P. 477–493. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859600062365>.
- Ceccarelli S., Grando S. and Hamblin J. Relationship between barley grain yield measured in low- and high-yielding environments. *Euphytica.* 1992. Vol. 64 (1–2). P. 49–58. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00023537>.
- Malosetti M., Ribaut J.-M. and van Eeuwijk F.A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Front. Physiol.* 2013. Vol. 4. P. 44. DOI: <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>.
- Gauch H.G. et al. Two new strategies for detecting and understanding QTL by environment interactions. *Crop Sci.* 2011. Vol. 51 (1). P. 96–113. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.04.0206>.
- Lacaze X., Hayes P.M. and Korol A. Genetics of phenotypic plasticity: QTL analysis in barley, *Hordeum vulgare*. *Heredity.* 2009. Vol. 102 (2). P. 163–173. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.2008.76>.
- Farshadfar E., Geravandi M. and Vaisi Z. Chromosomal localization of QTLs controlling genotype × environment interactions in barley. *Intl. J. Agric. Crop. Sci.* 2012. Vol. 4 (6). P. 317–324.
- Драгавцев В.А., Малецкий С.И. Эволюция парадигм наследования и развития и их ведущая роль в создании инновационных селекционных технологий. *Биосфера.* 2015. Т. 7. № 2. С. 155–168.
- van Eeuwijk F.A., Bustos-Korts D.V. and Malosetti M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? *Crop Sci.* 2016. Vol. 56 (5). P. 2119–2140. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>.
- Verma A. et al. Non parametric analysis in multi environmental trials of feed barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* 2017. Vol. 6 (6). P. 1201–1210. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijemas.2017.606.139>.
- Ващенко В.В., Шевченко А.А. Дифференцирующая способность сред как метод отбора исходного материала в селекции ячменя ярового. *Селекція і насінництво.* 2015. Вип. 108. С. 8–11. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2015.57337>.
- Солонечний П.М. Гомеостатичність та селекційна цінність сучасних сортів ячменю ярового. *Селекція і насінництво.* 2013. Вип. 103. С. 36–41. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2013.54064>.
- Mehari M., Alamerew S. and 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(2). P. 73–79. DOI: <https://doi.org/10.3923/ajps.2014.73.79>.
- Mirosavljevic M. et al. The application of AMMI model for barley cultivars evaluation in multi-year trials. *Genetika.* 2014. Vol. 46 (2). P. 445–454. DOI: <https://doi.org/10.2298/GENSR1402445M>.
- Kiliç H. Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of grain yield in barley genotypes across environments. *J. Agr. Sci.* 2014. Vol. 20(4). P. 337–344. DOI: <https://doi.org/10.15832/tbd.44431>.
- Гудзенко В.М. та ін. Статистична та AMMI оцінка стабільності селекційних ліній ячменю ярового в багатосередовищних випробуваннях. *Plant Var. Stud. Prot.* 2018. Т. 14, № 4. С. 347–357. DOI: <https://doi.org/10.21498/2518-1017.14.4.2018.151894>.
- Verma A., Kumar V., Kharab A.S. and Singh G.P. AMMI model to estimate G×E for grain yield of dual purpose barley genotypes. *Inter. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.* 2019. Vol. 8 (5). P. 1–7. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijemas.2019.805.001>.

19. Bocianowski J., Warzecha T., Nowosad K. and 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. Genet.* 2019. Vol. 60. P. 127–135. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00490-2>.
20. Gabriel K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. *Biometrika.* 1971. Vol. 58 (3). P. 453–467. DOI: <https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453>
21. Gauch H.G. Model selection and validation for yield

- trials with interaction. *Biometrics.* 1988. Vol. 44 (3). P. 705–715.
22. Hongyu K., Garcia-Pena M., de Araujo L.B. and dos Santos Dias C.T. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. *Biometrical Letters.* 2014. Vol. 51 (2). P. 89–102. DOI: <https://doi.org/10.2478/bile-2014-0007>.
23. Хангильдин В.В., Литвиненко Н.А. Гомеостатичність і адаптивність сортів озимої пшениці. *Науч.-техн. бюл. ВСИИ.* 1981. Вып. 1 (39). С. 8–14.

REFERENCES

1. Laidig, F. et al. (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: <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2967-4> [in English].
2. 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. *Genet. Res Int., Article ID 431487*. DOI: <https://doi.org/10.1155/2015/431487> [in English].
3. Hill, J. (1975). Genotype-environment interaction – a challenge for plant breeding. *J. Agric. Sci.*, 85 (3), 477–493. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859600062365> [in English].
4. Ceccarelli, S., Grando, S. & Hamblin, J. (1992). Relationship between barley grain yield measured in low- and high-yielding environments. *Euphytica*, 64 (1–2), 49–58. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00023537> [in English].
5. Malosetti, M., Ribaut, J.-M. & van Eeuwijk, F.A. (2013). The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Front. Physiol.*, 4, 44. DOI: <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044> [in English].
6. Gauch, H.G. et al. (2011). Two new strategies for detecting and understanding QTL by environment interactions. *Crop Sci.*, 51 (1), 96–113. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.04.0206> [in English].
7. Lacaze, X., Hayes, P.M. & Korol, A. (2009). Genetics of phenotypic plasticity: QTL analysis in barley, *Hordeum vulgare*. *Heredity*, 102 (2), 163–173. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.2008.76> [in English].
8. Farshadfar, E., Geravandi, M. & Vaisi, Z. (2012). Chromosomal localization of QTLs controlling genotype × environment interactions in barley. *Intl. J. Agric. Crop. Sci.*, 4 (6), 317–324 [in English].
9. Dragavtsev, V.A. & Maletskiy, S.I. (2015). Jevoljucija paradigmi nasledovanija i razvittija i ih vedushhaja rol' v sozdannii innovacionnyh selekcionnyh tehnologij [The evolution of paradigms of heredity and development and their leading role in designing of innovative breeding technologies]. *Biosfera – Biosphere*, 7 (2), 155–168 [in Russian].
10. van Eeuwijk, F.A., Bustos-Korts, D.V. & Malosetti, M. (2016). What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? *Crop Sci.*, 56 (5), 2119–2140. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375> [in English].
11. Verma, A. et al. (2017). Non parametric analysis in multi environmental trials of feed barley genotypes. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.*, 6 (6), 1201–1210. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.606.139> [in English].
12. Vashchenko, V.V. & Shevchenko, A.A. (2015). Diferencirujushhaja sposobnost' sred kak metod otbora ishodnogo materiala v selekcii jachmenja jarovogo [Differentiating ability of environments as a methods of selection initial material in spring barley breeding]. *Selektsiia i nasinnystvo – Plant Breeding and Seed Production*, 108, 8–11. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2015.57337> [in Russian].
13. Solonechnyi, P.M. (2013). Homeostatychnist ta selektsiina tsinnist suchasnykh sortiv yachmeniu yarohto [Homeostatic and breeding value of the modern spring barley varieties]. *Selektsiia i nasinnystvo – Plant Breeding and Seed Production*, 103, 36–41. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2013.54064> [in Ukrainian].
14. 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: <https://doi.org/10.3923/ajps.2014.73.79> [in English].
15. Mirosavljevic, M. et al. (2014). The application of AMMI model for barley cultivars evaluation in multi-year trials. *Genetika*, 46 (2), 445–454. DOI: <https://doi.org/10.2298/GENSR1402445M> [in English].
16. Kiliç, 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: <https://doi.org/10.15832/tbd.44431> [in English].
17. Hudzenko, V.M. et al. (2018). Statystychna ta AMMI otsinka stabilnosti selektsiinykh linii yachmeniu yarohto v bahatoseredovyschnykh vyprobuvanniakh. [Statistical and AMMI evaluation of stability of spring barley breeding lines in multi-environment trials]. *Plant Var. Stud. Prot.*, 14 (4), 347–357. DOI: <https://doi.org/10.21498/2518-1017.14.4.2018.151894> [in Ukrainian].

18. Verma, A., Kumar, V., Kharab, A.S. & Singh, G.P. (2019). AMMI model to estimate $G \times E$ for grain yield of dual purpose barley genotypes. *Inter.J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.*, 8 (5), 1–7. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijemas.2019.805.001> [in English].
19. 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. Genet.*, 60, 127–135. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00490-2> [in English].
20. Gabriel, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. *Biometrika*, 58 (3), 453–467. DOI: <https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453> [in English].
21. Gauch, H.G. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, 44 (3), 705–715 [in English].
22. 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 x environment interaction. *Biometrical Letters*, 51 (2), 89–102. DOI: <https://doi.org/10.2478/bile-2014-0007> [in English].
23. Hangil'din, V.V. & Litvinenko, N.A. (1981). Gomeo-statichnost' i adaptivnost' sortov ozimoy pshenicy [Homeostatic and adaptability of winter wheat varieties]. *Nauchno-tehnicheskij bjulleten' VSGI – Scientific and Technical Bulletin of PBGI*, 1 (39), 8–14 [in Russian].

Стаття надійшла до редакції журналу 01.11.2020
