

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ГЕНЕТИЧНИХ ДЖЕРЕЛ ПІДВИЩЕНОГО ТА СТАБІЛЬНОГО РІВНЯ ПРОЯВУ МАСИ 1000 ЗЕРЕН ЯЧМЕНЮ ЯРОГО (*HORDEUM VULGARE L.*)

В.М. Гудзенко¹, О.С. Дем'янюк², Т.П. Поліщук¹,
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 у 2018–2020 рр. в умовах Миронівського інституту пшениці імені В.М. Ремесла НААН. Мета — виділити нові генетичні джерела за поєднанням підвищеного та стабільного рівня прояву маси 1000 зерен ячменю ярого для створення нового вихідного матеріалу в екологічних умовах центральної частини Лісостепу України. Матеріалом для дослідження були 96 колекційних зразків ячменю ярого (*Hordeum vulgare L.*) різного екологічного походження. Для виявлення особливостей у межах різних підвидів (дворядного і шестирядного), груп різновидностей (плівчасті і голозерні), а також дворядних плівчастих зразків різного екологічного походження генотипи було розподілено на шість груп. У чотирьох групах зразків виділено генотипи, які поєднували максимальний рівень прояву ознаки та високі значення показників гомеостатичності (Нот) і селекційної цінності (Sc). У двох інших групах зразків генотипи, які в середньому за три роки мали вищу масу 1000 зерен, характеризувались не високими значеннями показників Нот і Sc унаслідок більшої варіабельності. Дисперсійним аналізом АММІ моделі встановлено практично однакову частку внеску в загальну дисперсію умов року (34,02%), генотипу (34,67) та їх взаємодії (31,32%). Виявлені особливості вказують, як на наявне у цій вибірці зразків ячменю ярого істотне генетичне різноманіття, так і значний вплив погодних умов року на формування маси 1000 зерен, а також різну реакцію генотипів за рівнем прояву ознаки на умови окремих років досліджень. Таким чином, із використанням статистичних параметрів та візуалізації GGE biplot виділено нові генетичні джерела оптимального поєднання підвищеного та стабільного рівня прояву ознаки. Для поліпшення сортів ячменю дворядного плівчастого за масою 1000 зерен рекомендовано використовувати як батьківські компоненти схрещування зразки Святовіт (UKR), Дар Носівщини (UKR), Смарагд (UKR), Sunshine (DEU), Lilly (DEU), Владлен (KGZ), голозерного — NSGJ-1 (SRB), шестирядного — Yerong (AUS).

Ключові слова: *Hordeum vulgare L.*, маса 1000 зерен, колекційний зразок, екологічні умови, гомеостатичність, селекційна цінність, АММІ, GGE biplot.

ВСТУП

Формування, збереження і підтримання в життєздатному стані генетичних колекцій сільськогосподарських культур та їх комплексне дослідження визначають як пріоритетні завдання для забезпечення продовольчої безпеки людства [1]. Ячмінь

в Україні є однією з основних культур, яка має різні напрями використання зерна, основними з яких є зернофуражний, пивоварний та харчовий [2]. З огляду на це, всебічне оцінювання світового генетичного різноманіття та створення на цій основі сучасних сортів ячменю, які поєднують підвищений продуктивний потенціал, адаптивність, стійкість до біо- та абіотичних

чинників, а також відповідні якісні показники зерна є актуальним завданням.

АНАЛІЗ ОСТАННІХ ДОСЛІДЖЕНЬ І ПУБЛІКАЦІЙ

Звуження генетичної основи сучасних сортів отримало визначення «генетична ерозія» [3]. Однак, результати проведених експериментальних досліджень різняться щодо наявності або відсутності ознак звуження генетичної основи сучасних сортів. Ґрунтовним генетичним аналізом європейського сортименту ячменю різних періодів селекційної роботи встановлено як втрату, так і залучення нових алелів [4]. У селекційних програмах, у яких постійно використовували різноманітний вихідний матеріал спостерігали розширення генетичного різноманіття сортів та підвищення потенціалу їх продуктивності. Водночас автори сходяться в думці, що сьогоденна тенденція до концентрації селекційної роботи у великих наукових центрах і, відповідно, зменшення кількості незалежних селекційних програм, можуть мати негативні наслідки щодо генетичного різноманіття створюваних сортів.

Слід відмітити, що оцінювання колекційного матеріалу за фенотиповим проявом цінних господарських ознак не втрачає цінності у практичній селекції [5]. Виокремлення генетичних джерел цінних ознак і властивостей присвячено більшість досліджень колекційного матеріалу ячменю в Україні [6–8].

Урожайність є узагальнюючим інтегральним показником господарської цінності сорту, яка формується за рахунок ознак нижчого порядку — її структурних елементів [9; 10]. Тому збільшення потенціалу врожайності відбувається за рахунок поліпшення окремих складових та їх оптимального поєднання в генотипі [11]. Одним із ключових елементів структури врожайності ячменю є маса 1000 зерен. Крім того, вона є важливою якісною характеристикою зерна та показником північної придатності насіння [12–15]. Маса 1000 зерен може бути одним з індикаторів стресостійкості [16–18].

Слід враховувати, що маса 1000 зерен, як і інші елементи структури врожайності є кількісною ознакою. Рівень її фенотипового прояву значною мірою модифікується залежно від впливу різноманітних чинників навколишнього середовища [19; 20]. У зв'язку з цим, одні й ті самі генотипи мають різну цінність в інших екологічних умовах. Таким чином, навіть для відомих генетичних джерел необхідним є всебічне дослідження за основними ознаками і властивостями безпосередньо в місці проведення селекційної роботи та поширення створюваних сортів.

Метою досліджень було виділення нових генетичних джерел за поєднанням підвищеного та стабільного рівня прояву маси 1000 зерен ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.) для створення нового вихідного матеріалу в екологічних умовах центральної частини Лісостепу України.

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дослідження проведено впродовж 2018–2020 рр. в умовах Миронівського інституту пшениці імені В.М. Ремесла НААН. Ґрунтові та погодні умови проведення досліджень детально охарактеризовано нами у попередньому повідомленні [21]. Матеріалом для дослідження були 96 колекційних зразків ячменю ярого походженням з 15 країн, які отримано з Національного центру генетичних ресурсів рослин України. Зразки належать до двох підвидів: шестирядного (різновидності *var. pallidum* і *var. rikotense*) і дворядного, який 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 розподілено на шість груп. Плівчасті дворядні зразки сформували чотири групи: I — зразки походженням з України, II — зразки із Західної Європи (сюди ж віднесли по одному зразку з Авст-

ралії 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.

Сівбу проводили сівалкою СКС-6-10Ц за настання фізичної стиглості ґрунту. Облікова площа ділянки 1 м². Повторність триразова. Розміщення ділянок – повними рендомізованими блоками. Стандарт – сорт ячменю ярого Взірєць розміщували через 20 номерів. Масу 1000 зерен визначали відбираючи проби з кожного повторення.

Визначали показники гомеостатичності (Ном) та селекційної цінності (Sc) відповідно до В.В. Хангільдіна, М.А. Литвиненка [22]. Статистичний аналіз здійснювали з використанням комп'ютерних програм Excel 2010 і Statistica 12. З метою виявлення взаємодії генотип–середовище, диференціації та виявлення генотипів, які оптимально поєднують підвищену масу 1000 зерен та її стабільність за роками у розрізі усієї вибірки генотипів (96 зразків) застосували дисперсійний аналіз АММІ моделі та візуалізації GGE biplot з використанням програми GEA-R. Принципи аналізу та інтерпретація експериментальних даних графічними підходами викладені в оригінальних публікаціях [23; 24].

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

Маса 1000 зерен істотно варіювала, залежно від умов року і досліджених генотипів, що наочно ілюструє *рис. 1*. Для використання в якості генетичних джерел із метою поліпшення найбільшу цінність становитимуть генотипи, з оптимальним поєднанням рівня прояву ознаки та її відносної стабільності за роками.

У першій групі зразків найбільше у середньому за три роки значення маси 1000 зерен ($X = 53,3$ г) у поєднанні з високими значеннями показників гомеостатичності (Ном = 578,0) та селекційної цінності (Sc = 44,3) мав зразок G76 Святівіт (UKR). Оптимально поєднував високе середнє значення маси 1000 зерен ($X = 53,0$ г) та

статистичні показники (Ном = 675,0; Sc = 45,9) зразок G74 Дар Носівщини (UKR). Окрім вище двох названих, також слід виділити зразок G75 Смарагд (UKR) ($X = 50,9$ г; Ном = 560,7; Sc = 42,8). Для порівняння, у стандарту Взірєць рівень прояву маси 1000 зерен у середньому за роки досліджень становив 48,7 г з варіюванням від 56,2 г в 2018 р. до 40,2 г у 2020 р., і значеннями статистичних показників Ном = 294,6; Sc = 34,8. Максимальне значення показника гомеостатичності (Ном = 750,2) у цій групі було в зразка G3 Реванш (UKR). Однак, середнє значення маси 1000 зерен у нього становило 41,1 г, а тому він характеризувався лише близьким до середнього значення для цієї вибірки генотипів значенням селекційної цінності (Sc = 36,9).

У другій групі зразків максимальну в середньому за три роки масу 1000 зерен мали зразки G87 Victorianna (DEU) (50,8 г) і G96 Despina (DEU) (50,6 г). Однак у зв'язку з варіабельністю рівня прояву ознаки за роками вони характеризувались відносно низькими значеннями статистичних параметрів. Зокрема, у зразка G87 Victorianna (DEU) маса 1000 зерен коливалась від 57,0 г у 2019 р. до 40,6 г у 2020 р. і, відповідно, Ном = 241,5, Sc = 33,7. У зразка G96 Despina (DEU) розмах варіювання був у межах від 57,6 г у 2018 р. до 38,40 г у 2020 р., а тому Ном = 289,9, Sc = 36,2. Дещо поступалися названим зразкам за середньою масою 1000 зерен, але істотно їх переважали за показниками гомеостатичності та селекційної цінності генотипи G97 Lilly (DEU) ($X = 48,5$ г; Ном = 654,0; Sc = 41,8) та G82 Sunshine (DEU) ($X = 47,6$ г; Ном = 663,0; Sc = 41,2).

У третій групі зразків зразок G55 ЯК-401 (RUS) з максимальною масою 1000 зерен (49,2 г) у середньому впродовж 2018–2020 рр. також не мав найвищих значень статистичних параметрів (Ном = 323,9; Sc = 36,5). Максимальні гомеостатичність (Ном = 1473,3) та селекційну цінність (Sc = 42,2) були в генотипу G23 Арат (RUS), однак середня маса 1000 зерен у нього становила лише 44,9 г. Проміжними

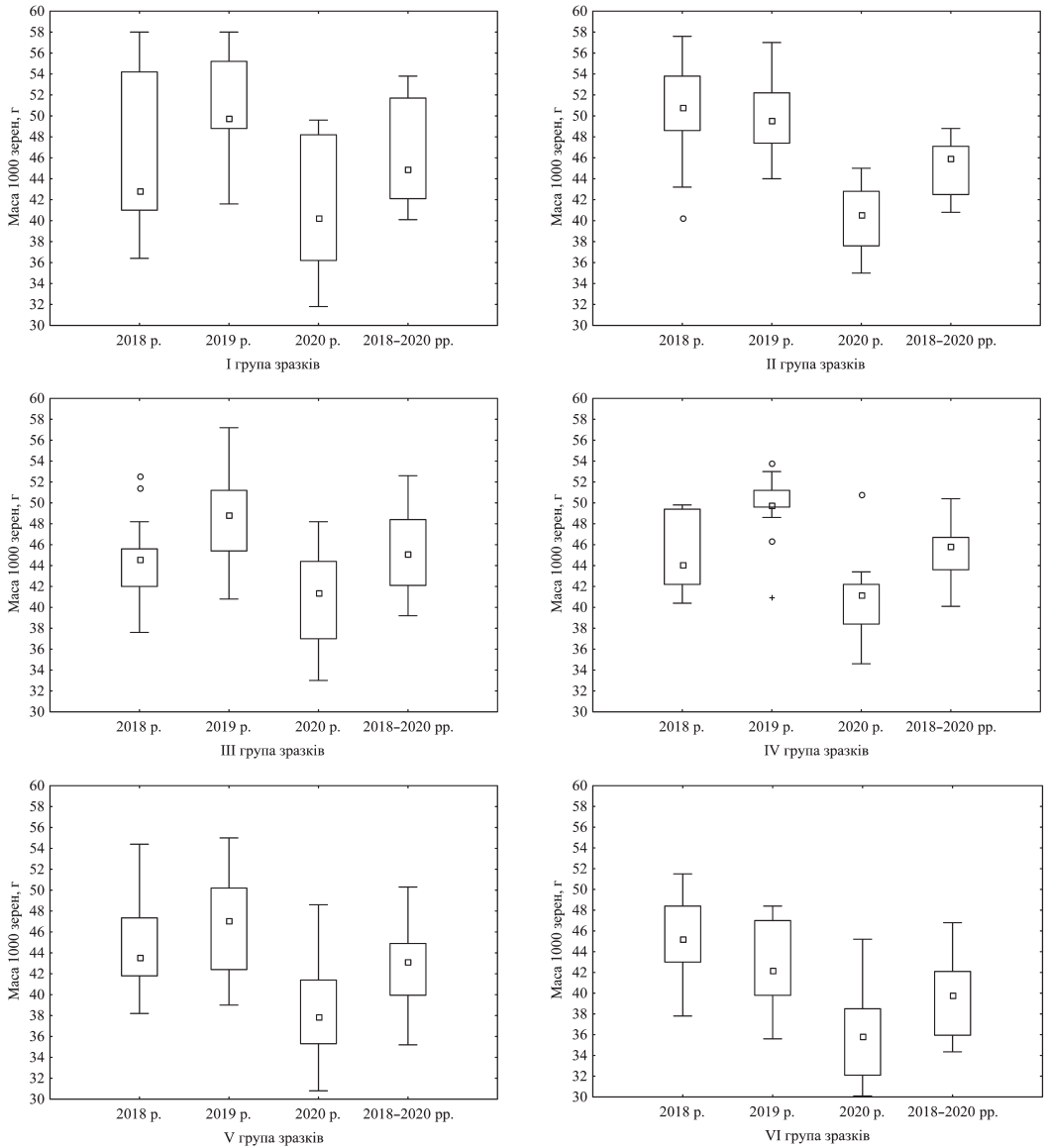


Рис. 1. Рівень прояву маси 1000 зерен у різних групах зразків ячменю ярого залежно від умов років досліджень

значеннями між вище охарактеризованими зразками III групи за масою 1000 зерен у поєднанні з підвищеними статистичними показниками характеризувались генотипи G22 Зубр (BLR) ($X = 46,8$ г; $\text{Hom} = 689,9$; $\text{Sc} = 41,2$), G20 Северянин (RUS) ($X = 46,5$ г; $\text{Hom} = 643,6$; $\text{Sc} = 40,7$) і G25 Меди-

кум 139 (RUS) ($X = 47,1$ г; $\text{Hom} = 583,5$; $\text{Sc} = 40,1$).

Щодо четвертої групи – поза конкуренцією був зразок G43 Владлен (KGZ), який поєднував максимальні значення маси 1000 зерен (49,1 г) та статистичних показників ($\text{Hom} = 1082,5$; $\text{Sc} = 45,1$).

Найвищий рівень прояву ознаки та високі гомеостатичність і селекційну цінність у п'ятій групі мав зразок G15 NSGJ-1 (SRB) ($X = 51,7$ г; $Hom = 916,0$; $Sc = 46,2$). Серед зразків шостої групи також помітним лідером за поєднанням середньої маси 1000 зерен ($X = 46,7$ г) та статистичних параметрів ($Hom = 1361,5$; $Sc = 43,6$) був G64 Yerong (AUS).

Таким чином, у I, IV, V і VI групах зразків виділено генотипи, які поєднували максимальну масу 1000 зерен та високі значення показників гомеостатичності і стабільності. Для II і III груп зразків характерним було те, що генотипи, які в середньому за три роки мали вищий рівень прояву маси 1000 зерен унаслідок більшої варіабельності в окремі роки характеризувались не високими значеннями показників гомеостатичності та селекційної цінності. Тобто кращі показники статистичних параметрів були у зразків із дещо нижчим середнім рівнем прояву ознаки, але меншою її варіабельністю в окремі роки. Також слід відмітити, що варіювання маси 1000 зерен у зразків не мало лінійності, а варіювало від мінімального до максимального значення у різних зразків у різні роки. Таким чином, можемо констатувати перехресний тип взаємодії генотип–середовище (умови року досліджень).

Дисперсійним аналізом АММІ моделі встановлено, що частка внеску у варіацію генотипу, середовища та їх взаємодії була практично на одному рівні (табл.). Дані підтверджують, як наявне у цій вибірці істотне генетичне різноманіття, так і значний вплив погодних умов року на формування

маси 1000 зерен, а також різну реакцію генотипів за рівнем прояву ознаки на умови окремих років досліджень.

GGE biplot диференціовальної здатності та репрезентативності середовищ інформує, що за рівнем прояву маси 1000 зерен 2019 р. (E19) і 2020 р. (E20) були відносно близькими один до одного, але істотно відрізнялись від 2018 р. (E18) (рис. 2). У той самий час, останній мав дещо вищу диференціовальну здатність. Слід зазначити, що жодне з середовищ не мало високої репрезентативності, що підкреслює варіабельність генотипів за рівнем прояву маси 1000 зерен у різні роки.

Таку саму закономірність підтверджено і даними рисунку візуалізації «хто-депереміг» (рис. 3). Лише два сектори містять як середовища, так і частину генотипів. Перший з них, об'єднує середовища E19 і E20, а також колекційні зразки G49 Крок (UKR), G52 Баскак (UKR), G55 ЯК-401 (RUS), G57 Шедрик (UKR), G43 Владлен (KGZ), G38 Ястреб (RUS), G25 Медикум 139 (RUS), G54 Аверс (UKR), G39 Абалак (RUS), G11 Нудум 95 (RUS), G20 Северянин (RUS), G22 Зубр (BLR), G46 Илек 16 (KAZ), G32 Ватан (KGZ), G22 Зубр (BLR), G35 Иргенинский 2 (RUS), G37 Натали (RUS), G45 Карагандинский 6 (KAZ), G18 Jet (CAN), G44 Азык (KAZ), G26 Кредо (RUS), G50 Antigone (GBR), G47 КАЗ-СУФФЛЕ 1 (KAZ), G42 Радзіміч (BLR), G29 Куралай (KAZ), G90 Biatlon (GBR) та G34 Золотник (RUS).

Другий сектор вміщує середовище E18, а також генотипи G76 Святівіт (UKR), G74 Дар Носівщини (UKR), G96 Despina

Дисперсійний аналіз АММІ моделі для маси 1000 зерен у колекційних зразків ячменю ярого, 2018–2020 рр.

Джерело варіації	Число ступенів волі	Середній квадрат	Частка внеску, %
Генотип	96	1796,49	34,02**
Середовище	2	38,14	34,67**
Взаємодія	192	17,23	31,32**
Factor 1*	97	72,46	70,84**
Factor 2*	95	30,46	29,16**

Примітка: * – Factor 1...2 – головні компоненти; ** – достовірно на 1% рівні.

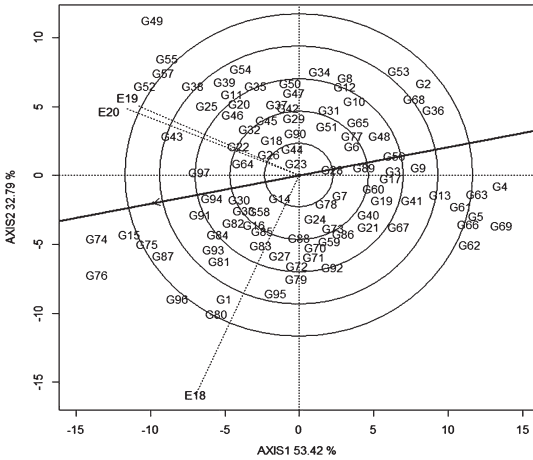


Рис. 2. GGE biplot диференціовальної здатності та репрезентативності середовищ, 2018–2020 рр.

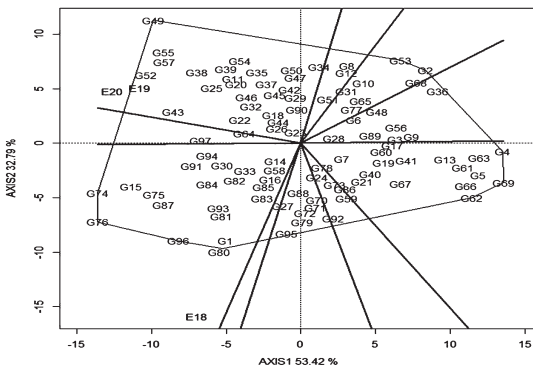


Рис. 3. GGE biplot «хто-де-переміг», 2018–2020 рр.

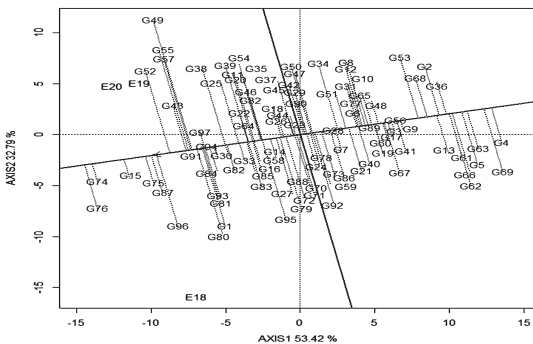


Рис. 4. GGE biplot середньосередовищна координація колекційних зразків ячменю ярого за середнім значенням маси 1000 зерен та її стабільністю, 2018–2020 рр.

(DEU), G80 Strier (DEU), G15 NSGJ-1 (SRB), G75 Смарагд (UKR), G87 Victorianna (DEU), G94 Skald (POL), G91 Kaputar (AUS), G84 Henrike (DEU), G93 Kormoran (POL), G81 Skarb (POL), G33 Шынар (KGZ), G82 Sunshine (DEU), G14 CDC Alamo (CAN), G58 Памяти Раисы (KAZ), G16 AC Alberte (CAN), G85 Almonte (CAN), G83 Conserto (GBR) та стандарт G1 Взірець (UKR). У вузькому секторі, що розмежовує названі вище два меґасередовища розмістились генотипи G97 Lilly (DEU) і G64 Yerong (AUS). Решта генотипів потрапили до секторів без середовищ. Тобто, ці зразки не мали очевидних переваг у жодному з них.

На рис. 4 вертикальна лінія, яка перетинає основу GGE biplot репрезентує середнє значення рівня прояву маси 1000 зерен усієї вибірки генотипів виражене в одиницях головних компонентів.

Генотипи розташовані за лінією у напрямі позначеному на горизонтальній осі стрілкою мали вищу за середню масу 1000 зерен, і відповідно, становлять більший практичний інтерес, ніж зразки, які поступались середньому значенню у досліді. Максимальний рівень прояву ознаки у спадяючому порядку мали генотипи G76 Сяютовіт (UKR), G74 Дар Носівщини (UKR), G15 NSGJ-1 (SRB), G75 Смарагд (UKR), G87 Victorianna (DEU) і G96 Despina (DEU).

Пунктирними лініями позначено відхилення зразків від очікуваного середнього за роками рівня прояву маси 1000 зерен. Максимальне зміщення в сторону умов E19 і E20 мали генотипи G49 Крок (UKR), G55 ЯК-401 (RUS), G57 Щедрик (UKR), G52 Баскак (UKR), у напрямку середовища E18 – G80 Strier (DEU), G95 Suveren (POL), G79 Фэст (BLR), G96 Despina (DEU) і G72 Glacier AL.38 (GBR). Найбільш стабільними серед генотипів з вищою за середню у досліді масою 1000 зерен були G94 Skald (POL), G91 Kaputar (AUS), G30 Сырауры (KAZ).

Оптимальне поєднання рівня прояву маси 1000 зерен та її стабільності за ро-

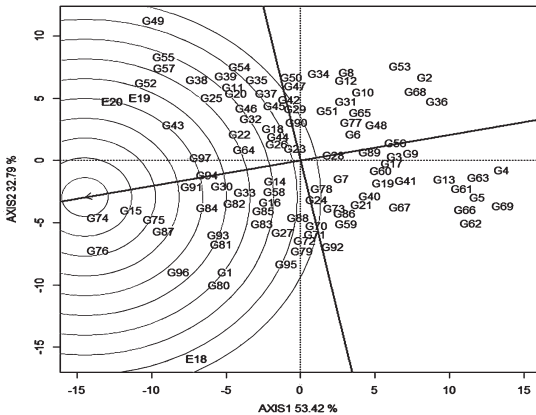


Рис. 5. GGE biplot ранжирування колекційних зразків ячменю ярого відносно «ідеального» генотипу за масою 1000 зерен, 2018–2020 рр.

ками мали генотипи G74 Дар Носівщини (UKR) і G15 NSGJ-1 (SRB). Які, відповідно, були і найбільш близькими до «ідеального генотипу», репрезентованого центром центричних кіл (рис. 5). Поступався їм за стабільністю зразок G76 Святівіт (UKR), за рівнем прояву ознаки та стабільністю – G75 Смарагд (UKR) і G87 Victorianna (DEU).

ВИСНОВКИ

У результаті трирічних (2018–2020 рр.) досліджень встановлено суттєві відмінності між колекційними зразками ячменю ярого за рівнем прояву маси 1000 зерен та її варіабельністю. Виявлено практично

однакову частку внеску в загальну дисперсію умов року (34,02%), генотипу (34,67) та їх взаємодії (31,32%). Дані вказують як на наявне у даній вибірці зразків ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.) істотне генетичне різноманіття, так і значний вплив погодних умов року на формування маси 1000 зерен, а також різну реакцію генотипів за рівнем прояву ознаки на умови окремих років досліджень.

За поєднанням підвищеної маси 1000 зерен та показників гомеостатичності і селекційної цінності у різних за підвидами, різновидностями, а також країнами походження групах зразків ячменю ярого виділено нові генетичні джерела для використання в селекційному процесі. Зокрема, для поліпшення сортів ячменю дворядного плівчастого за даною ознакою можна рекомендувати зразки Святівіт (UKR), Дар Носівщини (UKR), Смарагд (UKR), Sunshine (DEU), Lilly (DEU), Владлен (KGZ), голозерного – NSGJ-1 (SRB), шестирядного – Yerong (AUS)

Загалом серед усіх досліджених 96 зразків наближене до оптимального поєднання рівня прояву маси 1000 зерен і її стабільності за роками відповідно до GGE biplot моделі мали генотипи Дар Носівщини (UKR), NSGJ-1 (SRB), Святівіт (UKR), Смарагд (UKR).

ЛІТЕРАТУРА

- Govindaraj M., Vetriventhan M. and Srinivasan M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genetics Research International*. 2015. Article ID 431487. DOI: <https://doi.org/10.1155/2015/431487>.
- Лінчевський А.А. 95 років селекції ячменю в селекційно-генетичному інституті. *Збірник наукових праць СГІ–НЦНС*. 2012. Вип. 20. С. 66–83.
- Van de Wouw M. et al. Genetic erosion in crops: concept, research results and challenges. *Plant Genetic Resources*. 2010. Vol. 8 (1). P. 1–15. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1479262109990062>.
- Malysheva-Otto L. et al. Temporal trends of genetic diversity in European barley cultivars (*Hordeum vulgare* L.). *Molecular Breeding*. 2007. Vol. 20 (4). P. 309–322. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-007-9093-y>.
- Brantestam A.K. et al. Characterisation of agronomic performance of Baltic spring barley material. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*. 2014. Vol. 68 (3/4). P. 119–132.
- Ниска І.М. Характеристика зразків світового генофонду ячменю ярого за основними господарськими ознаками. *Генетичні ресурси рослин*. 2015. Вип. 17. С. 29–33.
- Петухова І.А., Рябчун В.К., Музафарова В.А., Падалка О.І. Оцінка сортів ячменю ярого для круп'яного напрямку використання за комплексом цінних господарських ознак в умовах Лісостепу України. *Генетичні ресурси рослин*. 2016. № 18. С. 31–40.

8. Гудзенко В.М., Дем'янюк О.С. Генетичне поліпшення ячменю дворядного ярого за кількісними ознаками у Лісостепі України. *Агроекологічний журнал*. 2018. № 1. С. 81–86. DOI: <https://doi.org/10.33730/2077-4893.1.2018.160581>
9. Xu X. et al. Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a Pan-European barley cultivar collection. *The Plant Genome*. 2018. Vol. 11 (1). Article ID 170073. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.08.0073>.
10. Swati S. et al. Genetic architecture of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes for grain yield and yield attributing traits. *Wheat and Barley Research*. 2018. Vol. 10 (3). P. 179–184. DOI: <https://doi.org/10.25174/2249-4065/2018/83148>.
11. Rodrigues O., Minella E. and Costenaro E.R. Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agricultural Sciences*. 2020. Vol. 11. P. 425–438. DOI: <https://doi.org/10.4236/as.2020.114025>.
12. Wang Q. et al. Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. *Frontiers in Plant Science*. 2019. Vol. 10. Article ID 469. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00469>.
13. Wang J. et al. Identification of QTL for barley grain size. *Peer J*. 2021. Vol. 9. Article ID e11287. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.11287>.
14. Tsige T., Shiferaw T., Gezahegn S. and Taye K. Assessment of malt barley genotypes for grain yield and malting quality traits in the central highlands of Ethiopia. *Journal of Biology, Agriculture and Healthcare*. 2020. Vol. 10 (20). DOI: <https://doi.org/10.7176/JBAH/10-20-01>.
15. Важеніна О.Є., Васьюк Н.І., Солонечний П.М., Солонечна О.В. Міцність натури та маси 1000 зерен пивоварних сортів ячменю в залежності від генотипу та погодних умов. *Селекція і насінництво*. 2020. Вип. 117. С. 16–25. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2020.206935>.
16. Hadjichristodoulou A. Stability of 1000-grain weight and its relation with other traits of barley in dry areas. *Euphytica*. 1990. Vol. 51 (1). P. 11–17. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00022887>.
17. Istanbuli T., Baum M., Touchan H. and Hamwieh A. Evaluation of morpho-physiological traits under drought stress conditions in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Photosynthetica*. 2020. Vol. 58 (4). P. 1059–1067. DOI: <https://doi.org/10.32615/ps.2020.041>.
18. Mikołajczak K. et al. Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. *Frontiers in Plant Science*. 2020. Vol. 11. Article ID 743. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00743>.
19. Bleidere M. et al. Variation of spring barley agronomic traits significant for adaptation to climate change in Latvian breeding programmes. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*. 2012. Vol. 66 (1/2). P. 30–35. DOI: <https://doi.org/10.2478/v10046-011-0043-z>.
20. Tamm Y., Jansone I., Zute S. and Jakobsone 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 (4). P. 163–169.
21. Гудзенко В.М. та ін. Стабільність урожайності колекційних зразків ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.) в умовах центральної частини Лісостепу України. *Агроекологічний журнал*. 2021. № 1. С. 140–149. DOI: <https://doi.org/10.33730/2077-4893.1.2021.227252>.
22. Хангильдин В.В., Литвиненко Н.А. Гомеостатичність и адаптивність сортів озимої пшениці. *Научно-технічний бюлетень ВСІП*. 1981. Вип. 1 (39). С. 8–14.
23. Yan W. and Tinker N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*. 2006. Vol. 86 (3). P. 623–645. DOI: <https://doi.org/10.4141/P05-169>.
24. 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>.

REFERENCES

1. 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. *Genetics Research International*, Article ID 431487. DOI: <https://doi.org/10.1155/2015/431487> [in English].
2. Linchevskiy, A.A. (2012). 95 rokiiv selektsii yachmeniu v selektsiino-henetychnomu instytutu [95 years of barley breeding in plant breeding and genetics institute]. *Zbirnyk naukovykh prats SHI–NTsNS – Collected Scientific Articles of PBGI–NCSCI*, 20, 66–83 [in Ukrainian].
3. Van de Wouw, M. et al. (2010). Genetic erosion in crops: concept, research results and challenges. *Plant Genetic Resources*, 8 (1), 1–15. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1479262109990062> [in English].
4. Malysheva-Otto, L. et al. (2007). Temporal trends of genetic diversity in European barley cultivars (*Hordeum vulgare* L.). *Molecular Breeding*, 20 (4), 309–322. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-007-9093-y> [in English].
5. Brantestam, A.K. et al. (2014). Characterisation of agronomic performance of Baltic spring barley material. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*, 68 (3/4), 119–132 [in English].
6. Nyska, I.M. (2015). Kharakterystyka zrazkiv svitovoho henofondu yachmeniu yaroho za osnovnymy hospodarskymy oznakamy [Characterization of

- spring barley accessions from the world gene pool in terms of major economic traits]. *Genetični resursi roslin — Plant Genetic Resources*, 17, 29–33 [in Ukrainian].
7. Petukhova, I.A., Riabchun, V.K. Muzafarova, V.A. & Padalka, O.I. (2016). Otsinka sortiv yachmeniu yaroho dlia krupianoho napriamu vykorystannia za kompleksom tsinnnykh hospodarskykh oznak v umovakh Lisostepu Ukrainy [Evaluation of groat spring barley varieties for a set of valuable economic features in the Forest-steppe of Ukraine]. *Genetični resursi roslin — Plant Genetic Resources*, 18, 31–40 [in Ukrainian].
 8. Hudzenko, V.M. & Demyanyuk, O.S. (2018). Hene-tychne polipshennia yachmeniu dvoriadnoho yaroho za kilkisnymi oznakamy u Lisostepi Ukrainy [Genetic improving of quantitative traits in two-rowed spring barley in the Forest-steppe of Ukraine]. *Ah-roekolohichnyi zhurnal — Agroecological Journal*, 1, 81–86. DOI: <https://doi.org/10.33730/2077-4893.1.2018.160581> [in Ukrainian].
 9. Xu, X. et al. (2018). Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a Pan-European barley cultivar collection. *The Plant Genome*, 11 (1), Article ID 170073. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.08.0073> [in English].
 10. Swati, S. et al. (2018). Genetic architecture of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes for grain yield and yield attributing traits. *Wheat and Barley Research*, 10 (3), 179–184. DOI: <https://doi.org/10.25174/2249-4065/2018/83148> [in English].
 11. Rodrigues, O., Minella, E. & Costenaro, E.R. (2020). Genetic improvement of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil: yield increase and associated traits. *Agricultural Sciences*, 11, 425–438. DOI: <https://doi.org/10.4236/as.2020.114025> [in English].
 12. Wang, Q. et al. (2019). Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. *Frontiers in Plant Science*, 10. Article ID 469. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00469> [in English].
 13. Wang, J. et al. (2021). Identification of QTL for barley grain size. *PeerJ*, 9, Article ID e11287. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.11287> [in English].
 14. 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. *Journal of Biology, Agriculture and Healthcare*, 10 (20). DOI: <https://doi.org/10.7176/JBAH/10-20-01> [in English].
 15. Vazhenina, O.E., Vasko, N.I., Solonechnyi, P.M. & Solonechna, O.V. (2020). Minlyvist natury ta masy 1000 zeren pyvovarnykh sortiv yachmeniu v zalezhnosti vid henotypu ta pohodnykh umov [Variability of the test weight and 1000-kernel weight of brewing barley cultivars depending on the genotype and weather conditions]. *Selektsiya i Nasimnystvo — Plant Breeding and Seed Production*, 117, 16–25. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2020.206935> [in Ukrainian].
 16. Hadjichristodoulou, A. (1990). Stability of 1000-grain weight and its relation with other traits of barley in dry areas. *Euphytica*, 51 (1), 11–17. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00022887> [in English].
 17. Istanbuli, T., Baum, M., Touchan, H. & Hamwieh, A. (2020). Evaluation of morpho-physiological traits under drought stress conditions in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Photosynthetica*, 58 (4), 1059–1067. DOI: <https://doi.org/10.32615/ps.2020.041> [in English].
 18. Mikolajczak, K. et al. (2020). Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. *Frontiers in Plant Science*, 11, Article ID 743. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00743> [in English].
 19. Bleidere, M. et al. (2012). Variation of spring barley agronomic traits significant for adaption to climate change in Latvian breeding programmes. *Proceedings of Latvian Academy of Sciences. Section B*, 66 (1/2), 30–35. DOI: <https://doi.org/10.2478/v10046-011-0043-z> [in English].
 20. 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 [in English].
 21. Hudzenko, V.M. et al. (2021). Stabilnist urozhainosti kolektiynykh zrazkiv yachmeniu yaroho (*Hordeum vulgare* L.) v umovakh tsentralnoi chastyny Lisostepu Ukrainy [Assessment of yield and stability in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes of different ecological origin under conditions of the central part of Ukrainian Forest-steppe]. *Ah-roekolohichnyi zhurnal — Agroecological Journal*, 1, 140–149. DOI: <https://doi.org/10.33730/2077-4893.1.2021.227252> [in Ukrainian].
 22. Hangil'din, V.V. & Litvinenko, N.A. (1981). Gomeostatichnost' 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].
 23. Yan, W. & Tinker, N.A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86 (3), 623–645. DOI: <https://doi.org/10.4141/P05-169> [in English].
 24. 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].

Стаття надійшла до редакції журналу 21.05.2021