

Верхняцьке 12 і гібридною комбінацією Х-98/Паллада з масовою часткою колхіцину 0,025% та сортом Яворовецьке – 0,01%, які мали істотно високі показники порівняно з контролем. За концентрації 0,05% мінливість сортів була нижча або на рівні контролю (в межах  $HP_{0,5-1}$ ).

**СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ЛІТЕРАТУРИ:**

1. Дегтярова Н. И. Лабораторный и полевой практикум по генетике: Учеб. пособие для студентов биол. ф-тов пед. ин-тов. Пер. с укр. / Дегтярова Н. И. – Киев: Вища школа. Головное изд-во, 1979. – 288 с.
2. Тороп А. А. Направления и результаты селекции озимой ржи в Центрально-Черноземной зоне / А. А. Тороп, В. Г. Дядяев, В. В. Чайкин // Новые методы селекции озимых колосовых культур. – Уфа, 2011. – С. 48-54.
3. Урбан Э. П. Озимая рожь в Беларуси: селекция, семеноводство, технология возделывания / Э. П. Урбан. – Минск: Беларус. навука, 2009. – ISBN 978-985-08-1085-4.
4. Мюнцинг А. Цитогенетические свойства и практическая ценность тетраплоидной ржи / А. Мюнцинг // Полиплоидия. – М., 1956. – С. 153-208.
5. Banneidr A. Erste Ergebnisse von Ertragleistungen und Anbauversuchen des hellkornigen Tetrapoggen / A. Banneidr, F. Vuler // Stand und Entwicklungstendenzen der Intenziv, Konz. Und Sper. Tag. – Ber., Akad. Landwirtschaftl. Wiss. DDR. – Berlin, 1975. – Н. 135. – Р. 151-156.
6. Ruebenbauer T. Pryba okreslenia wartosci gospodarczej zyta tetraploidalnego Borkowskie-Tetra w porownaniu z miejscowymi odmianami / T. Ruebenbauer, A. Biskurski, F. Zaba // Hodowla Rosl. I Aklimat. Nasienn. – 1967. – N. 2. – Р. 1.
7. Мухин Н. Д. К вопросу селекции озимой тетраплоидной ржи на устойчивость к полеганию / Н. Д. Мухин, Т. И. Пугачева // Селекция и семеноводство. – 1973. – № 5. – С. 24-26.
8. Пугачева Т. И. Биологические особенности и приемы повышения продуктивности тетраплоидной озимой ржи в условиях Белоруссии: Автореф. дис. ... канд. с.-х. наук. / Т. И. Пугачева. – Жодино, 1967. – 22 с.
9. Худяк М. И. Тетраплоидное жито / М. И. Худяк // Хлібороб України. – 1965. – № 11. – С. 10-11.
10. Pfahler P. L., Barnett R. D., Luke H. H. Diploid-tetraploid comparisons in rye. Grain production / P. L. Pfahler, R. D. Barnett, H. H. Luke // Crop Sc. – 1987. – Vol. 27, N 3. – Р. 431-435.
11. Пилипчук Б. З. Цитогенетика и плодовитость тетраплоидных форм ржи при внутривидовой отдаленно-географической гибридизации: автореф. дис. на соискание ученой степени канд. биологических наук: 03.00.15 «Генетика» / Б. З. Пилипчук. – К., 1974. – 23 с.
12. Касаева К. А. Достижения селекции высокопродуктивных сортов озимой ржи: Обзорная информация / Касаева К. А. – М., 1979. – 58 с.
13. Андреева Л.С. Селекция тетраплоидных форм / Л.С. Андреева, М.С. Грицик // Збірник наукових праць Інституту цукрових буряків. – К.: ІЦБ УААН, 1999. – Вип. 1. – С. 38-41.
14. Неговский Н. А. О возможности и эффективности получения тетраплоидов у сахарной свеклы методом валентных скрещиваний / Н. А. Неговский, И. И. Литвиненко // Вопросы генетики, селекции и цитологии сахарной свеклы. – Киев, 1971. – С. 128-139.
15. Мацук М. Б. Одержання диплоїдних форм цукрових буряків із тетроплоїдних на основі використання валентних схрещувань / М. Б. Мацук // Збірник наукових праць Інституту біоенергетичних культур і цукрових буряків. Новітні технології вирощування сільськогосподарських культур – К., 2012. – Вип. 14. – С. 477-480.

УДК 633.15:631.52

**КЛАСТЕРНИЙ АНАЛІЗ ІНБРЕДНИХ ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ АЛЬТЕРНАТИВНИХ  
ГЕНОПЛАЗМ ЗА ОСНОВНИМИ СЕЛЕКЦІЙНИМИ ОЗНАКАМИ**

**ЗАПЛІТНИЙ Я.Д.** – кандидат с.-г. наук  
**МИКУЛЯК І.С.**  
**ЛІНСЬКА М.І.**  
**КАРП Т.Я.**  
**КОЗАК Г.В.**

Буковинська державна сільськогосподарська дослідна станція НААН

**Постановка проблеми.** Основою гетерозисної селекції кукурудзи є міжлінійна гібридизація. Гібриди отримані від схрещування спеціально підібраних самозапильних ліній дозволяють підвищити урожайність кукурудзи на 20-30 % і більше [1].

Планування стратегії сучасної селекції кукурудзи передбачає використання різних методів оцінки та ідентифікації лінійного матеріалу за генетичними відмінностями. На думку багатьох вчених-селекціонерів, на сучасному етапі одним із найбільш ефективних і доступних методів класифікації самозапильних ліній є метод кластеризації

вихідного матеріалу на основі генетичних дистанцій [2, 3, 4].

**Стан вивчення проблеми.** Кластерний аналіз – це метод класифікаційного аналізу, який призначений в основному для розбивки безлічі досліджуваних об'єктів і ознак на однорідні в деякому сенсі групи, або кластери. Його застосовують для встановлення генетичної близькості самозапилених ліній на основі взаємозв'язків між основними селекційними ознаками [5, 6, 7, 8].

В селекційних дослідженнях по кукурудзі даний метод застосовується для вивчення філогенезу гено-

типів та добору батьківських пар для схрещування [9, 10, 11, 12].

**Завдання і методика дослідження.** Метою наших досліджень є визначення рівня спорідненості у самозапильних ліній кукурудзи різних зародкових плазм за основними селекційними ознаками в умовах західного Лісостепу України.

Дослідження виконували на полях селекційної сівозміни лабораторії селекції кукурудзи Буковинської державної сільськогосподарської дослідної станції НААН (м. Чернівці) протягом 2008-2014 рр. Метеорологічні умови в роки проведення досліджень відрізнялися по сумі опадів та температурному режиму, однак були досить сприятливі для вирощування кукурудзи. Найбільш сприятливими склалися погодні умови в 2009 році, а менш сприятливі в 2010 р.

Матеріалом для досліджень були представлені найкращі базові та деякі нові невідомі лінії кукурудзи із колекції Інституту зернових культур НААН (м. Дніпро), які за походженням відносяться до різних зародкових плазм. Всього було відібрано 31 лінію, в тому числі: 11 зразків плазми Айодент, 9 зразків плазми Лакон та 11 зразків плазми Змішана (Міх). В останню групу входять лінії створені на основі плазм Ланкастер Мо17, Ланкастер Oh43, BSSS, Со125 і Добруджанка.

Досліди проводились згідно «Методичних рекомендацій польового та лабораторного вивчення генетичних ресурсів кукурудзи [13]. Густота рослин до збирання становила 70 тис./га. Повторність – трьохразова з рендомізацією за повтореннями, ділянки двохрядкові, площа – 9,8 м<sup>2</sup>.

За загальний стандарт для кожної генетичної групи обрана ранньостигла лінія F 2, а також окремі стандарти в середині групи: ДК 744 (Айодент), ДК 223 (Лакон), ДК 129 (Змішана).

Протягом вегетаційного періоду проводили фенологічні спостереження за етапами росту і розвитку рослин: визначали дату появи сходів, цвітіння чоловічих і жіночих суцвіть, настання стиглості зерна. Біометричні виміри проводили на 10 рослинах з ділянки: вимірювали висоту рослин, висоту прикріплення нижнього продуктивного качана, підраховували кількість качанів на рослині та кількість вузлів на головному стеблі.

Збирання урожаю проводили вручну. Для проведення аналізу відібрали середню пробу по 10 качанів з кожної ділянки. В лабораторних умовах проводили аналіз структури качанів з кожної проби. При описі качанів визначали наступні показники: консистенція зерна, колір зерна, форма качана, довжина качана, діаметр качана, колір стрижня, кількість рядів зерен, кількість зерен в ряду, вихід сухого зерна та масу 1000 зерен.

Вологість зерна кожної проби визначалась вологоміром «Агва 15». Показники маси 1000 зерен і урожайності зразків, виходу сухого зерна обчислювались при 14 % вологості.

Достовірність результатів експериментальних досліджень визначалась згідно з методикою Б. А. Доспехова [14]. Оцінка комбінаційної здатності ліній розраховувалась за методикою Г. К. Дремлюк, В. Ф. Герасименко [15]. Обробка одержаних результатів досліджень методом кластерного аналізу про-

водилась на персональному комп'ютері з використанням пакету програм «Statistica 6.0».

**Результати досліджень.** Згідно програми наших досліджень кластеризацію ліній у кожній генетичній групі проводили за 13 селекційними ознаками: урожайність зерна при 14% вологості, вологість зерна при збиранні, висота рослин, висота прикріплення качана, вихід сухого зерна, період сходи-цвітіння 50 % качанів, кількість вузлів, маса 1000 зерен, коефіцієнт качанності, довжина качана, діаметр качана, кількість рядів зерен та кількість зерен в ряду. Щоб визначити найбільш споріднені та віддалені лінії, групування у кластері здійснювали за допомогою методу «найближчого сусіда». Результати кластерного аналізу дають можливість оцінити рівень генетичної дивергенції всередині кожної групи за комплексом ознак, які частіше не пов'язані між собою.

Розподіл ліній зародкової плазми Айодент на чотири кластерні групи за допомогою генетичних (Евклідових) дистанцій представлений на дендрограмі (рис. 1).

До першого кластеру, згідно генетичних дистанцій (D=16,2), увійшли найбільш подібні лінії ДК 744 і ДК 279. У другому кластері найбільшу подібність проявили лінії S 54555 і ДК 279/278 (D=17,5). Названі пари ліній формували генетичні зв'язки між собою на відстані D=23,0. А лінії ДК 742 та ДК 278 проявили генетичну близькість до цих кластерів на відстані D=27,0 і D=28,2 відповідно. Третій кластер об'єднав лінії ДК 274 і ДК 275, які проявили найбільшу подібність між собою (D=15,0). У цих ліній існує дуже близький зв'язок з лінією ДК 257-7 (D=17,5) та середньоближкий з лінією ДК 250 (D=24,5). Лінію ДК 237-5, яка проявила значно віддалені зв'язки з іншими кластерами (D=53,0), ідентифіковано у четвертий кластер. Між лініями третього кластеру та попередніми двома кластерами встановлено зв'язок на відстані D=31,1.

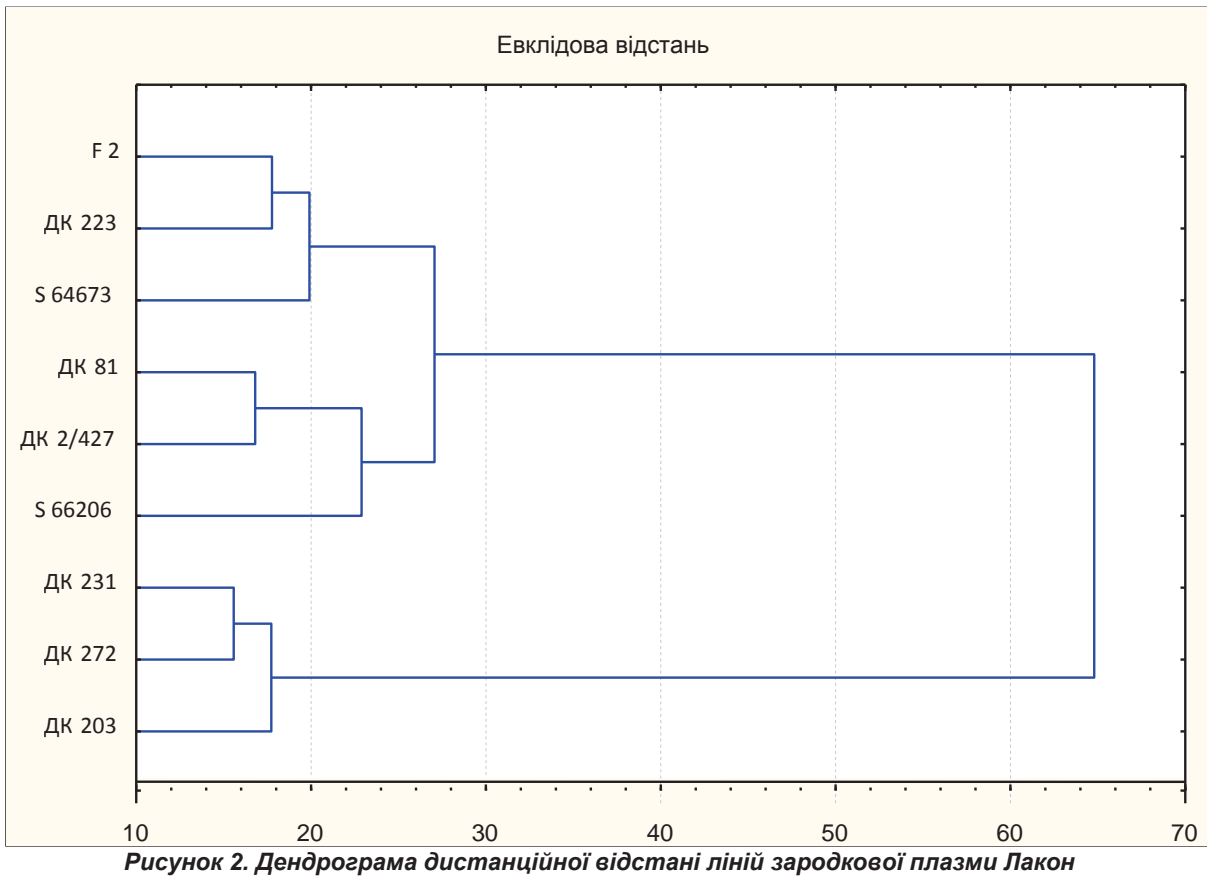
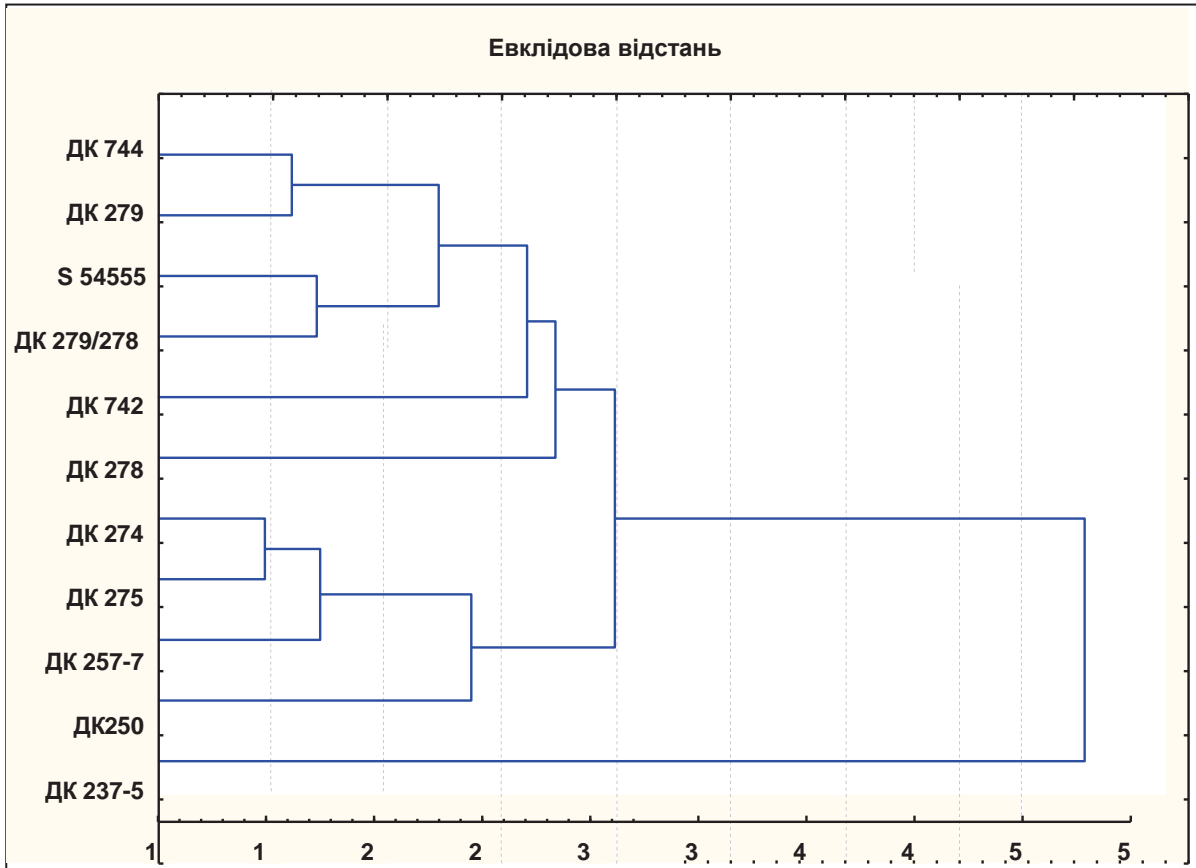
Кластеризація ліній зародкової плазми Лакон дозволила поділити даний генетичний матеріал на три основні групи (кластери) (рис.2). Перший кластер утворений із споріднених ліній F 2, ДК 223 та S 64673 (D=18,0-20,0), другий із ліній – ДК 81, ДК 2/427 та S 66206 (D=17,0-23,0), а третій кластер – із ліній ДК 231, ДК 272 та ДК 203 (D=15,5-18,0).

Необхідно відмітити, що генетична відстань між першим і другим кластером (D=27,0) у 2,4 раза менше її відстані до третього кластеру (D=65). Тобто лінії третього кластеру проявили значну генетичну віддаленість до решти ліній плазми Лакон.

Проведений кластерний аналіз ліній зародкової плазми Змішана дозволив розділити вихідний матеріал на чотири основні групи (кластери) (рис. 3).

Перший кластер утворили найбільш генетично близькі лінії ДК 129 і ДК 267 (D=13,0) та прилегла до них лінія ДК 276-1 (D=19,0). Далі від нього на міжкластерній відстані D=21,0 розмістилися споріднені лінії другого кластеру ДК 269, ДК 267/43 і ДК 959 (D=7,5-12,0). До вищевказаних обох кластерів на генетичній відстані D=26,0 прилягає лінія ДК 366.

Лінії ДК 247 та ДК 212 (D=24,0), при генетичній дистанції D=30,0 до попередніх груп ліній відносяться до третього кластеру.



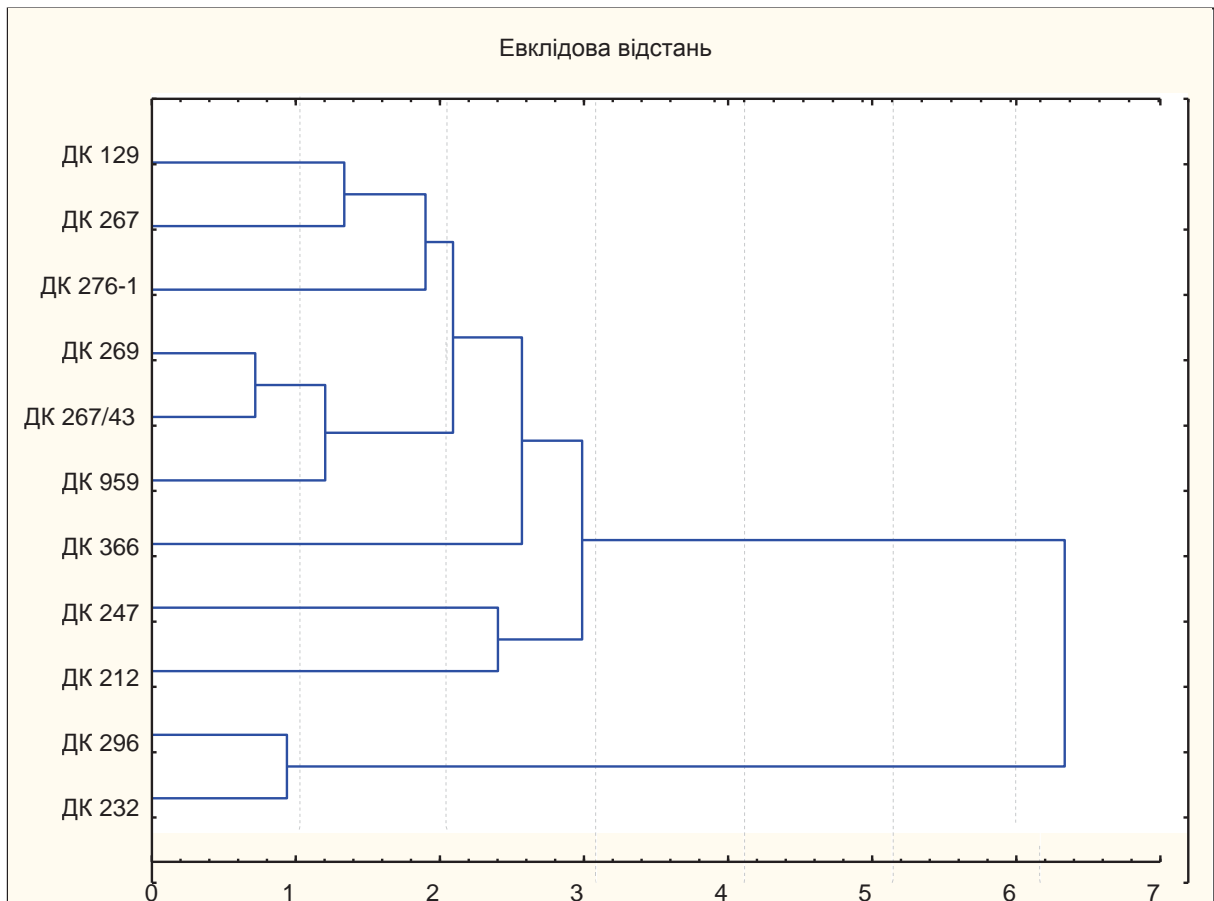


Рисунок 3. Дендрограма дистанційної відстані ліній зародкової плазми Змішана

Серед досліджуваних зразків плазми Змішана виділено найбільш віддалений ( $D=63,5$ ) четвертий кластер, до якого входять близькоспоріднені лінії ДК 296 і ДК 232 ( $D=9,5$ ).

**Висновки.** Отже, за результатами кластерного аналізу, самозапилені лінії в межах кожної зародкової плазми були поділені на досить генетично близькі або генетично віддалені групи (кластери). Також, це допомогло виділити найбільш цінні та перспективні лінії для селекції кукурудзи. Встановлення віддаленості або спорідненості між групами ліній є особливо корисним при вивченні колекцій вихідного матеріалу.

При подальшій селекційній роботі в ґрунтово-кліматичних умовах західного Лісостепу, такий чіткий розподіл дозволить ефективніше та раціональніше використовувати вихідний матеріал альтернативних геноплазм для синтезу скоростиглих високопродуктивних гібридів кукурудзи.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

- Чучмий І. П. Генетические основы и методы селекции скороспелых гибридов / І. П. Чучмий, В. В. Моргун. – К. : Наукова думка, 1990. – 284 с.
- Головчанська І. О. Нові лінії кукурудзи – донори цінних господарських ознак для селекції / І. О. Головчанська, Н. В. Кузьмишина, В. К. Рябчун // Генетичні ресурси рослин. – 2013. – № 12. – С. 53–62.
- Дзюбецкий Б. В. Современная зародышевая плазма в селекции кукурузы в Институте зернового хозяйства УААН / Б. В. Дзюбецкий, В. Ю. Черчель // Селекция и семеноводство. – 2002. – Вып. 86. – С. 11–19.
- Гужва Д. В. Використання кластерного аналізу генетичних дистанцій для генотипової класифікації самозапиленних ліній кукурудзи / Д. В. Гужва // Наслідки наукових пошуків молодих вчених аграрників в умовах реформування АПК: матеріали міжнародної наук.-практ. конференції молодих вчених та спеціалістів. – Чабани. 1996. – Частина 1. – С. 214.
- Колесник О. О. Шляхи формування систем сортовивчення та контролю розсадників за молекулярними маркерами / О. О. Колесник // 36. наук. пр. СГ–НЦНС. – Одеса, 2013. – Вип. 22 (62). – С. 89–99.
- Мельник А. В. Використання кластерного аналізу за підбору сортів і гібридів ріпаку ярого для вирощування в лівобережному степу України / А. В. Мельник // Вісник ПДАА. с 2013. – № 4. – С. 6–11.
- Жужукин В. І. Кластерный и факториальный анализ морфологических параметров кукурузы / В. І. Жужукин // Генетика. – 1994. – № 30. – С. 51–61.
- Капустян М. В. Оценка новых самоопыленных линий кукурузы, созданных на основе различных генетических плазм, по продуктивности ее компонентов / М. В. Капустян // Генетические ресурсы растений. – Харьков, 2015. – Вып 16. – С. 64–75.

9. Мустяца С. И. Создание, оценка, классификация и использование самоопыленных линий скороспелой кукурузы / С. И. Мустяца, П. А. Борозан, С. Г. Брума // Paskani, 2014. – С. 70–98.
10. Кожухова Н. Е. Геном кукурудзи та його поліпшення / Н. Е. Кожухова, Ю. М. Сиволап, Б. Ф. Вареник // Вісн. аграр. науки. – 2011. – № 2. – С. 26–29.
11. Овсяннікова Н. С. Селекційна і генетична цінність самозапилених ліній кукурудзи в залежності від родоводу: автореф. дис. на здобуття наук. ступеня кандидата с.-г. наук : спец. 06.01.05 «Селекція рослин» / Н. С. Овсяннікова. – Харків, 2003. – 19 с.
12. Борисова В. В. Селекційні аспекти застосування SNP-аналізу в кукурудзи: автореф. дис. канд. с.-г. н.: 06.01.05 «Селекція і насінництво» / В. В. Борисова. – Дніпропетровськ, 2014. – 24 с.
13. Методичні рекомендації польового та лабораторного вивчення генетичних ресурсів кукурудзи. / Вид. друге доповнене. Інститут рослинництва ім. В.Я. Юр'єва. Харків, 2003. – 43с.
14. Доспехов Б. А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). – М.: Агропромиздат, 1985. – 351 с.
15. Дремлюк Г. К. Приёмы анализа комбинационной способности ЭВМ-программы для нерегулярных скрещиваний / Г. К. Дремлюк, В. Ф. Герасименко. – М. : Агропромиздат, 1991. – СГИ УААН, 1992.– 144 с.

УДК 635.64:361.52

## СТРУКТУРА КОРЕЛЯЦІЙНИХ ЗВ'ЯЗКІВ ОЗНАК ПРОДУКТИВНОСТІ ТОМАТА

**ЛЮТА Ю.О.** – кандидат с.-г. наук, с.н.с.

**КОБИЛІНА Н.О.** – кандидат с.-г. наук, с.н.с.

Інститут зрошуваного землеробства НААН

**Постановка проблеми.** Селекційний процес повністю ґрунтується на знаннях закономірностей спряженої мінливості та успадкування ознак. Тому значних успіхів в селекції неможливо досягти без пізнання їх генетичної природи та взаємодії між ними.

Знання характеру успадкування кількісних ознак і його значення для прогнозування відбору, а також залежність між морфологією рослин та їх продуктивністю, складає основу для цілеспрямованої селекції найбільш цінних генотипів [1].

**Стан вивчення проблеми.** Взаємозв'язок та взаємообумовленість окремих ознак, які характеризують індивід, приводить до того, що селекція на поліпшення однієї ознаки обов'язково супроводжується зміною інших, або ознака, на яку спрямовано селекційний процес, є складною і визначається за допомогою сумарної дії більш простих. Проводячи цілеспрямований добір за однією важливою ознакою необхідно враховувати інші, бо через кореляційну спряженість між ними є можливість одержати негативний результат [2]. Тому вивчення біологічних взаємозв'язків традиційно є невід'ємною частиною селекційного процесу.

Для того, щоб встановити взаємозв'язок між ознаками іноді достатньо одних спостережень, а іноді потрібні математичні розрахунки. Для визначення взаємозв'язку між величинами використовують різні математичні методи. Найчастіше користуються методами кореляційного та регресійного аналізу, визначаючи коефіцієнт кореляції та регресії [3,4].

Розробці, удосконаленню та широкому використанню цих методів в селекційній роботі при проведенні біометричного аналізу кількісних ознак присвятили свої праці ряд вчених [5-8]. Найбільш широке використання в селекційній практиці знайшов метод кореляційного аналізу [9], який дає змогу вирішувати основні завдання селекції. По-перше: розрахувати та

створити ідеотип рослин для конкретних умов вирощування. По-друге: провести пошук шляхів непрямого добору на врожайність за рахунок побічних спряжених ознак [10]. По-третє: здійснювати контроль за зміщенням рівноваги генетичних систем під тиском штучного добору, гібридизації та впливом умов середовища [11].

За допомогою кореляційного аналізу визначають, які ознаки і в якій мірі будуть змінюватись при зміні основної селектуємої, а також за якими ознаками, неспряженими з основною, слід вести добори, не змінюючи значення останньої.

Як відмічають В.А. Драгавцев [12], А.А. Жученко [13] фенотипові кореляції є наслідком виявлення генотипічних і кореляцій, що обумовлені впливом зовнішнього середовища.

Генотипові кореляції відображають як плейотропну дію генів, так і зчеплення генів. Величина кореляцій, що обумовлена плейотропією, виражає ступінь впливу одних і тих же генів на дві ознаки. При цьому одні і ті ж гени з плейотропною дією можуть збільшувати значення обох ознак, в той час як інші змінюють їх в протилежних напрямках. Перші викликають позитивну кореляцію між ознаками, інші – негативну [14].

Ряд вчених підкреслюють значну мінливість значення коефіцієнтів кореляції між ознаками. В зв'язку з цим С.И. Жегалов (цитується за А.А. Жученко [14]) писав, що встановленими кореляційними зв'язками можна користуватися, але тільки конкретна кореляція, визначена для конкретних ознак та умов середовища, може бути корисною. Такої ж думки А.Н. Касьяненко, В.П. Головин [15].

За даними А.А. Жученко [13], коефіцієнти кореляції мають виняткову конкретність у відношенні до сорту і умов вирощування. Тому використання коефіцієнтів кореляції в селекційному процесі, на думку вченого, може бути ефективним, якщо між ознаками існують близькі до прямолінійної залеж-