УДК 681.527:633.16:632.938 https://doi.org/10.31867/2523-4544/0384

СТВОРЕННЯ НОВИХ ГЕНОТИПІВ ЯЧМЕНЮ ОЗИМОГО ТА АЛЬТЕРНАТИВНОГО ТИПІВ РОЗВИТКУ

І. Б. Легкун, О. М. Шеремет, І. В. Ковтун, К. О. Скворцова, З. В. Щербина
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення вул. Овідіопольська дорога, 3 м. Одеса, 65036, Україна

Актуальність. *Світовий генофонд ячменю посівного (Hordeum vulgare* L.*) озимого та альтернативного типів розвитку є досить вузьким у розумінні генетичного різноманіття, тому у селекційному плані потребує постійного пошуку нової генетичної плазми.* ***Мета досліджень:*** *Пошук нових методів створення генотипів озимого та альтернативного типу розвитку.* ***Матеріали і методи***. *На основі відомих існуючих алельних формул контролю типу розвитку (за Takahashi і Yasuda [4.5]) було розраховано імовірність виникнення генотипів різного типу розвитку при схрещуванні класів між собою за допомогою класичного генетичного методу розподілу нащадків для незалежного успадкування – решітки Пінету. Проведено тестове оцінювання сортів ярого ячменю, які на даний час залучені до селекційного процесу у відділі селекції та насінництва ячменю, щодо належності до певної алельної групи ярого типу розвитку. Для оцінки різниці між варіаційними рядами генотипів за типом розвитку, що спостерігалися та очікувалися, використовували критерій - χ^2. Запропоновано метод польового оцінювання та розподілу генотипів гібридних популяцій F_2 за типом розвитку.* ***Результати***. *Пропонується теоретичний розрахунок імовірності розщеплення за типом розвитку, у нащадків F_2, від схрещування алельної комбінації що відповідає за озимий тип розвитку, із генотипами належних до семи відомих алельних комбінацій ярого типу розвитку, нащадки були розділені по фенотиповому принципу прояву: тобто, на клас ярого типу розвитку та озимого прояву розвитку, в який по факту були віднесені як типово озимі так і генотипи альтернативного типу розвитку. Аналіз показав, що генотипи озимої групи використання з'являлися у нащадках від схрещування озимих генотипів із всіма групами ярого типу розвитку. Також, за даними розрахунків вони виникають від схрещування ярих алельних складів між собою, а саме: 3×1; 3×2; 3×4; 5×3; 6×3; 6×4; 7×1; 7×3; 7×4. Заапробовано селекційний метод масового добору генотипів альтернативного типу розвитку який дозволив у відділі селекції та насінництва ячменю одержати такі відомі сорти альтернативного типу розвитку як: Дев'ятий вал, Снігова королева, Валькірія та багато інших*

Ключові слова: *ячмінь, селекція, гібридизація, добір, ярий, альтернативний, озимий тип розвитку*

Вступ. Світовий генофонд ячменю посівного (*Hordeum vulgare* L.) озимого та альтернативного типів розвитку є досить вузьким у розумінні генетичного різноманіття [1]. У порівнянні із генотипами ярого типу розвитку, він у десятки разів є менш чисельним, тому ярі генотипи як джерела: крупнозерності, скоростиглості, стійкості до вилягання, імунітету, жаро- та посухостійкості й взагалі адаптивності як залучалися, так і будуть залучатися у селекцію ячменю озимого та альтернативного типів розвитку [2].

Для умов зони ризикованого землеробства, у практичному сенсі, пріоритетним напрямком у селекції ячменю є створення сортів альтернативного типу розвитку [3]. Питання генетичного різноманіття постає ще гостріше у порівнянні із сортиментом генотипів класичного озимого розвитку – оскільки кількість сортозразків альтернативного типу розвитку є ще менш чисельною.

Серед сучасних сортів західноєвропейського походження їх практично немає. Такі сорти трапляються серед сортів східноєвро-

Інформація про авторів:
Легкун Ігор Борисович, *канд. с.-г. наук, завідувач відділом селекції та насінництва ячменю,* e-mail: legkun_i@ukr.net, https//orcid.org/0000-0003-1679-8822
Шеремет Олександр Мартинович, *канд. с.-г. наук, провідний науковий співробітник відділу селекції та насінництва ячменю*
Ковтун Ігор Володимирович, *м. н. с.відділу селекції та насінництва ячменю,* e-mail: igoragrail@gmail.com, https://orcid.org/0009-0001-9902-1893.
Скворцова Катерина Олегівна, *м. н. с. відділу селекції та насінництва ячменю,* e-mail:igoragrail@gmail.com.
Щербина Зоя Володимирівна, *канд. с.-г. наук, вчений секретар,* e-mail: zoyasgi09@ukr.net, https://orcid.org/0000-0002-4630-8372

пейського походження, але їх кількість, знов таки, відносно невелика.

Оскільки гібридизації генотипів з різним типом розвитку між собою у селекції сортів озимого та альтернативного типів розвитку не уникнути, нам необхідно розуміння генетики типу розвитку для прогнозованого створення рекомбінантних генотипів бажаного типу розвитку.

Класичними роботами Takahashi і Yasuda [4, 5], було показано, що озимий генотип може бути представлений лише однією комбінацією пар алелів – ShSh sh_2sh_2 sh_3sh_3, тобто ознака контролюється однією парою домінантних, перший алель та двома парами рецесивних генів – другий та третій алель.

У той самий час як інші існуючі комбінації, що колосяться за весняного розвитку були віднесені до семи інших груп:

1. (ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3) або ++ Sh_2Sh_2 ++
2. (ShSh) Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3 ++ Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3
3. shsh (sh_2sh_2 sh_3sh_3) shsh ++ ++
4. shsh Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3) shsh Sh_2Sh_2 ++
5. shsh Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3 shsh Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3
6. (ShSh sh_2sh_2) Sh_3Sh_3 або ++ ++ Sh_3Sh_3
7. shsh (sh_2sh_2) Sh_3Sh_3 shsh ++ Sh_3Sh_3

Із представлених вище генетичних формул названих груп зрозуміло, що тип розвитку будь-якого ячменю визначається трьома парами генів: *ShSh shsh, Sh_2Sh_2 sh_2sh_2, Sh_3S_3 sh_3sh_3.*

За силою дії названі гени нерівнозначні. Ознака озимого типу контролюється одним домінантним *Sh,* та двома рецисивними генами *sh_2, sh_3,* які знаходяться відповідно у 4, 5 й 1 хромосомах за новою нумерацією [4]. Алелі *sh, Sh_2, Sh_3* обумовлюють ярий тип розвитку. Гени, які контролюють ярий тип розвитку (*Sh_2, Sh_3)* епістатичні по відношенню до генів, що обумовлюють озимий тип розвитку *Sh,* а *sh* – у відношенні до *sh_2* і *sh_3.* Тому, можлива лише одна комбінація пар алелів – ShSh sh_2sh_2 sh_3sh_3 для озимого типу розвитку [6, 7].

*Мета роботи***.** За допомогою теоретичного аналізу дослідити імовірність одержання генотипів озимого та альтернативного типів розвитку внаслідок схрещування генотипів належних до різних існуючих алельних комбінацій. Питання створення нових генотипів різних типів розвитку, а часто й різних генетичних плазм потребує постійної ідентифікації із вибракуванням небажаних у конкретній популяції, що потребує недорогого, але надійного методу ідентифікації у селекції, тому постає питання винайти метод, що дозволив би розділити популяцію генотипів за типом розвитку.

Матеріали та методи. Робота проводилася у СГІ-НЦНС у відділі селекції та насінництва ячменю. На основі відомих існуючих алельних формул контролю типу розвитку (за Takahashi і Yasuda [4, 5]) було розраховано імовірність виникнення генотипів різного типу розвитку при схрещуванні класів між собою за допомогою класичного генетичного методу розподілу нащадків для незалежного успадкування – решітки Пінету. Проведено тестове оцінювання сортів ярого ячменю, що на даний час залучені до селекційного процесу у відділі селекції та насінництва ячменю, щодо належності до певної алельної групи ярого типу розвитку. Для оцінки різниці між варіаційними рядами генотипів за типом розвитку, що спостерігалися та очікувалися, використовували критерій – χ^2. Запропоновано метод польового оцінювання та розподілу генотипів гібридних популяцій F_2 за типом розвитку.

Результати та обговорення. Теоретичний аналіз показав, що при схрещуванні між собою генотипів, які віднесені до різних алельних існуючих формул ярого типу розвитку в гібридних нащадках, можуть вищеплюватися генотипи озимого, озимого та альтернативного та альтернативного типів розвитку. Наприклад, при схрещуванні генотипів першої та шостої груп (табл. 1).

Очікуване розщеплення буде відбуватися у співвідношенні ярих до озимих генотипів 15:1. Таким чином, при схрещуванні двох неаллельних генів ярого типу розвитку між собою в нащадках з’являються ярі та озимі генотипи у співвідношенні 15:1.

Також можуть з’являтися озимі та альтернативні форми при схрещуванні між собою генотипів ярого типу розвитку першої та сьомої груп, проте частота утворення озимих форм значно менша (табл. 2).

У підсумку буде одержано співвідношення 63:1 озимих генотипів та 63:1 генотипів альтернативного типу розвитку.

Таблиця 1. Отримання генотипів озимого типу розвитку від схрещуванні ярих генотипів належних до різних алельних комбінацій ярого типу розвитку (1×6)

(ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3) × (ShSh sh_2sh_2) Sh_3Sh_3

↓ F_1

ShSh Sh_2sh_2 Sh_3sh_3

Гамети	Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3
Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3
Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3
Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3
Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 Sh_3
Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3
Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3

Примітки: *Кольором виокремлено генотипи озимого типу розвитку.*

Таблиця 2. Схема отримання генотипів озимого та альтернативного типів розвитку від схрещуванні ярих генотипів належних до різних алельних комбінацій ярого типу розвитку (1×7)

(ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3) × shsh (sh_2sh_2) Sh_3Sh_3

↓ F_1

Shsh Sh_2sh_2 Sh_3sh_3

Гамети	Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3
Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3
Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3
sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh Sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh Sh_2 Sh_3	sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh Sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3 sh Sh_2 Sh_3
sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh Sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 Sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3
sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3
sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	Sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3

Примітки:

1	Озимий тип розвитку
2	Альтернативний тип розвитку

При схрещуванні між собою генотипів ярого типу третьої та шостої груп (табл. 3) буде одержано співвідношення 63:1 озимих генотипів та 63:1 генотипів альтернативного типу розвитку.

Наступні приклади це утворення генотипів лише ярого та альтернативного типів розвитку у нащадках F_2: при схрещуванні генотипів які належать до третьої та першої груп (табл. 4).

Очікуване розщеплення генотипів буде відбуватися у співвідношенні 3:1 ярих до альтернативних.

При схрещуванні генотипів, що нале-

Таблиця 3. Схема отримання генотипів озимого та альтернативного типів розвитку від схрещування ярих генотипів які належать до різних алельних комбінацій ярого типу розвитку (3×6)

shsh (sh_2sh_2 sh_3sh_3) × (ShSh sh_2sh_2) Sh_3Sh_3

↓ F_1

Shsh sh_2sh_2 Sh_3sh_3

Гамети	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	Sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3 Sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh sh_2 Sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3

Примітки:

1 Озимий тип розвитку

2 Альтернативний тип розвитку

Таблиця 4. Схема отримання генотипів альтернативного типів розвитку від схрещування ярих генотипів, які належать до різних алельних комбінацій ярого типу розвитку (3×1)

shsh (sh_2sh_2 sh_3sh_3) × (ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3)

↓ F_1

Shsh sh_2sh_2 Sh_3sh_3

Гамети	sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3
sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 Sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh Sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3
sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh Sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3	sh sh_2 sh_3 sh sh_2 sh_3

Примітки:

1 Альтернативний тип розвитку

жать до третьої та четвертої груп буде одержано співвідношення ярих генотипів до альтернативних 3:1. При схрещуванні генотипів, що належать до третьої та сьомої груп буде одержано співвідношення ярих генотипів до альтернативних 3:1. При схрещуванні генотипів, які належать до четвертої та сьомої Takahashi, R., S. Yasuda. (1956), як показано груп одержимо співвідношення ярих генотипів до альтернативних 15:1.

Отже, при теоретичному аналізі розподілу гамет та імовірному співпадінню алельних утворень типових для незалежного триалельного успадкування ознаки, що харак- терно для ознаки типу розвитку за теорією у табл. 1–4 маємо абсолютну імовірність

утворення генотипів озимого (табл. 1), озимого та альтернативного (табл. 2, 3) та альтернативного типів розвитку (табл. 4). Причому, кількість генотипів альтернативного типу розвитку, що виникала у гібридних популяціях у схрещуваннях генотипів із алельним складом контролю ознаки, типової для 3 групи із генотипами, що належать до 1, 4, 7 груп сягає чверті від імовірної кількості нащадків, при схрещуванні генотипів, які віднесені до 4 та 7 груп – 1/16.

Таким чином, маємо надійне теоретичне підґрунтя для селекційної роботи зі створення нового генетичного матеріалу альтернативного типу розвитку.

Подібна робота проводилася у нашому відділі і при посіві гібридних комбінацій F_2 (Сі 13662, Одеський 36, Чорноморець, Донецький 6 із зразком К-376446 носієм алелів ++,++, Sh_3Sh_3 належним до 6 групи), після надходження до колекції з Японії маркерних генів типу розвитку. Весняна сівба показала наступну картину розщеплення (табл. 5).

У нащадках з'явилися «нові» генотипи

Таблиця 5. Розщеплення гібридних популяцій F_2 на генотипи такі що виколосилися та не виколосилися при тривалому денному освітленні та відсутності умов для яровизації озимих генотипів (2020 р.)

Назва комбінації	Кількість рослин	У тому числі		χ^2	F
		виколосилися	не виколосилися		
Одеський 36 / к-376446	340	327	13	0,72	0,20–0,50
Чорноморець / к-376446	214	208	6	7,25	0,05–0,25
Донецький 6 / к-376446	405	388	17	0,49	0,95–0,99
Сі 13662 / к-376446	397	397	5	0,23	0,50–0,70

озимого та «нові» генотипи альтернативного типу розвитку із однаковою частотою. Як можемо бачити (табл. 5), у перших двох комбінаціях поява генотипів озимого та альтернативного типів розвитку була із частотою нижчою за очікувану (із вірогідністю 0,05–0,50), що можна пояснити низькою життєздатністю гібридів.

Всі новостворені вищепенці озимого та альтернативного типів розвитку характеризувалися низькою або слабкою зимостійкістю, а їхня фотоперіодична чутливість була не надто проявленою. Тому над зазначеними недоліками необхідно працювати у подальшому насамперед, за допомогою гібридизації.

Отже, при схрещуванні різних алельних комбінацій ярого типу розвитку можна отримати генотипи озимого та альтернативного типів розвитку, але є проблема, у практиці ми фактично не маємо розуміння до якої групи алельної комбінації ярого типу належить той чи інший сорт або зразок ярого ячменю, такі роботи маловідомі, тому підібрати батьківські компоненти пари при гібридизації з достовірним апостеріорним очікуванням класів нащадків за типом розвитку фактично неможливо.

Але й тут є рішення. Справа у тому, що є певний ключ ідентифікації ярого генотипу щодо належності зразка до тої або іншої алельної групи ярого типу.

При схрещуванні алельної комбінації, що відповідає за озимий тип розвитку, із усіма алельними комбінаціями, що належать до ярого типу розвитку, теоретично очікуване співвідношення генетичних класів по групах розвитку в нащадках F_2 відоме, але це стосується теоретичного розрахунку імовірності виникнення генотипів класу ярого типу розвитку та генотипів озимого типу розвитку, на практиці ж фенотиповий прояв буде мати іншу картину за рахунок групи генотипів альтернативного типу розвитку (третя група), які класичними роботами віднесені до генотипів ярого типу розвитку, але фактично будуть проявлятися і за весняного, і за осіннього строків сівби.

Зазначимо, що основним методом роботи у селекції, є польовий, тому при нашому теоретичному розрахунку імовірного розщеплення за типом розвитку, нащадки були розділені по фенотиповому принципу прояву: тобто, на клас ярих генотипів та озимих генотипів в який по факту були віднесені як типово озимі так і генотипи альтернативного типу розвитку (табл. 6).

Аналіз показав, що генотипи озимої групи використання з'являлися у нащадках

Таблиця 6. Теоретично очікуваний прояв розщеплення за наявністю колосіння у рослин F_2, від схрещування ячменів різних за типом розвитку в умовах довгого та короткого дня

Генотипи типів розвитку	Співвідношення рослин, які виколосилися до тих що не виколосилися							
	ShSh sh_2sh_2 sh_3sh_3	ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3)	(ShSh) Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3	shsh (sh_2sh_2 sh_3sh_3)	shsh Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3)	shsh Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3	(ShSh sh_2sh_2) Sh_3Sh_3	shsh (sh_2sh_2) Sh_3Sh_3
ShSh sh_2sh_2 sh_3sh_3	-							
(ShSh) Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3)	13:3 1:3	–						
(ShSh) Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3	61:3 1:15	-	-					
shsh (sh_2sh_2 sh_3sh_3)	9:7 64	52:12 1:3	61:3 1:15	–				
shsh Sh_2Sh_2 (sh_3sh_3)	13:3 1:3	-	-	64 1:3	-			
shsh Sh_2Sh_2 Sh_3Sh_3	61:3 1:15	–	–	64 1:15	-	–		
(ShSh sh_2sh_2) Sh_3Sh_3	61:3 1:15	15:1 1:15	--	61:3 1:15	64 1:15	–	–	
shsh (sh_2sh_2) Sh_3Sh_3	42:22 24:40	64 1:15	–	64 64	64 1:15	–	–	–

***Примітки**: У чисельнику відношення тих які виколосилися (ярих, альтернативних) до тих що не виколосилися (озимих) рослин в умовах довгого дня, весняний посів; у знаменнику – відношення тих які виколосилися (озимих, альтернативних) до тих що не виколосилися (ярих) рослин за осінньої сівби.*

від схрещування озимих генотипів із всіма групами ярого типу розвитку. Також, за даними розрахунків вони виникають від схрещування ярих алельних груп між собою, а саме: 3×1; 3×2; 3×4; 5×3; 6×3; 6×4; 7×1; 7×3; 7×4. Саме від таких схрещувань можна очікувати появу найбільш рідкісних рекомбінантів у селекції сортів альтернативного типу розвитку, що неодноразово спостерігалося у нашій практиці. З метою збільшення вірогідності одержання генотипів озимого та альтернативного типів розвитку у відділі селекції та насінництва ячменю СГІ-НЦНС проводиться аналіз належності сортів ярого ячменю до певної генетичної групи (табл. 7).

Однак, на практиці, при розміщенні гіб-

Таблиця 7. Розщеплення гібридних популяції F_2 на генотипи такі що виколосилися та ті що не виколосилися в умовах пізньовесняного строку сівби (2024 р.)

Назва комбінації	Кількість рослин, шт	У тому числі		χ^2	Близьке співвідношення
		виколосилися	не виколосилися		
1	2	3	4	5	6
Буревій / Аватар	354	285	69	0,08	13:3
Буревій / Святовіт	369	293	76	0,52	13:3
Буревій / Геліос	371	299	72	0,06	13:3
Буревій / Галичанин	308	290	18	0,86	61:3
Академічний / Arka DS	416	399	17	0,30	61:3
Академічний / Noya	402	380	22	0,51	61:3
Академічний / Брітні	326	307	19	0,85	61:3
Академічний / Даніелла	351	330	21	1,23	61:3
Академічний / Геліос	507	403	104	0,63	13:3
Академічний / Натасія	271	262	9	1,13	61:3
Академічний / Adagio	369	344	25	3,26	61:3
Академічний / Annabelle	409	381	28	3,83	61:3
Академічний / Tokado	327	303	24	4,7	61:3

Продовження таблиці 7

1	2	3	4	5	6
Академічний / Монтоя	371	359	12	1,76	61:3
Академічний / Astoria	254	247	7	2,1	61:3
Академічний / Cadix	263	243	20	4,6	61:3
Академічний / Philadelphia	318	309	9	2,4	61:3
Академічний / Henli	274	265	9	1,19	61:3

ридних популяцій за пізньовесняного строку сівби та звичайного осіннього строку сівби група генотипів альтернативного типу розвитку буде дещо змінювати очікувану картину через (показники значення χ^2 по окремих комбінаціях) те, що взимку така група генотипів, імовірніше за все, вимерзати буде не повністю, а при ярому посіві частина її буде потребувати тривалого періоду яровизації через що спостерігатимемо уповільнений розвиток частки генотипів, які мали б розвиватися як ярі генотипи (табл. 8).

Отже, при порівнянні показників розщеплення на фактичні класи за типом розвит-

Таблиця 8. Розщеплення гібридних популяції F_2 на генотипи такі, що виколосилися та ті що не виколосилися в умовах осінньому строку сівби (2024–2025 р.)

Назва комбінації	Кількість рослин, шт	У тому числі		χ^2	Близьке співвідношення
		виколосилися	не виколосилися		
Буревій / Аватар	257	202	55	0,10	1:3
Буревій / Святовіт	311	255	56	0,29	1:3
Буревій / Геліос	351	281	70	0,10	1:3
Буревій / Галичанин	290	273	17	0,49	1:15
Академічний / Arka DS	317	307	10	0,22	1:15
Академічний / Noya	234	220	14	0,84	1:15
Академічний / Брітні	269	249	20	0,80	1:15
Академічний / Даніелла	241	234	7	0,23	1:15
Академічний / Геліос	363	292	71	0,13	1:3
Академічний / Натасія	214	206	8	1,30	1:15
Академічний / Adagio	301	282	19	0,39	1:15
Академічний / Annabelle	283	272	11	0,10	1:15
Академічний / Tokado	364	350	14	0,31	1:15
Академічний / Монтоя	317	299	18	1,09	1:15
Академічний / Astoria	251	237	14	2,85	1:15
Академічний / Cadix	309	290	19	0,10	1:15
Академічний / Philadelphia	288	278	10	0,19	1:15
Академічний / Henli	326	303	23	0,32	1:15

ку (табл. 7, 8) у наших дослідженнях спостерігається прояв алельних груп, типових для першої та четвертої (переважно ярих сортів вітчизняної селекції) та другої, п'ятої та шостої – для сортів західноєвропейської селекції. Більш точної інформації використаний метод дослідження не дає на етапі F_2, але цього може бути цілком достатньо для передбачення імовірності одержання нащадків озимої групи при підборі батьківських компонентів пари серед представлених ярих сортів.

При вивченні питання типу розвитку треба чітко розуміти вимоги генотипу до тривалості та термічних умов під час яровизації.

Заради об'єктивності, треба сказати, що ячмінь, як культура помірної зони, всіх типів розвитку потребує яровизації, різниця полягає у тому, що для генотипів різних типів розвитку температурний режим буде різним. Так, для генотипів ярого типу розвитку вона має проходити за температурним режимом не вище +17 °С, для генотипів озимого та альтернативного типу розвитку, має становити від +2 до + 10 °С. Цікаво, що незважаючи на те що за генетичним контролем альтернативний тип віднесений до групи алельних формул ярого типу розвитку, за потребою у температурному режимі яровизації він ближче до озимого типу.

Типово озимі, які мають більшу потребу в яровизації, а це більше 20 діб, дворучки (відповідно менше 20 діб) натомість мають меншу потребу у яровизації, але характеризуються середньою або сильною фоточутливістю. Останні користуються у виробництві більшим попитом, оскільки в умовах ризикованого землеробства (часті відлиги, нестійкий сніговий покрив) відрізняються помітно вищою зимостійкістю через уповільнені процеси розвитку, які лімітовані тривалістю світового періоду доби [4].

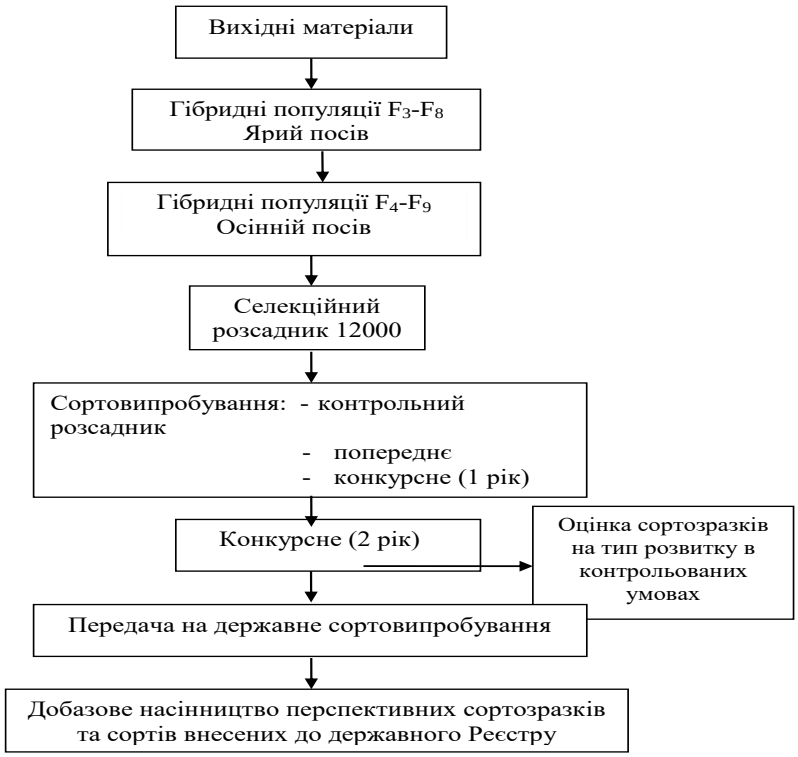
Наше завдання знайти метод, який дозволив би розділити популяцію генотипів за типом розвитку. Питання створення нових генотипів різних типів розвитку, а часто й різних генетичних плазм, потребує постійної ідентифікації із вибракуванням небажаних у конкретній популяції, що потребує маловитратних, але надійного методу ідентифікації.

І такий метод впроваджений у нашому відділі. Він полягає у пересіві однієї й тієї ж гібридної популяції у різні пори року. Спочатку це пізньовесняний посів популяції за середньодобової температури вище 13 °С, обов'язковою умовою є прогрів ґрунту вище за 10 °С, за таких умов, ми розуміємо, не може відбуватися нормально процес яровизації генотипів озимого типу розвитку, але й генотипи альтернативного типу розвитку з тривалою потребою в яровизації, не можуть виколошуватися, хоча генотипи з коротким періодом яровизації та скоростиглі зберігаються, колосяться та дають насіннєвий матеріал достатній для пересіву (для умов м. Одеси це після 25.04), та другий – пересів гібридних популяцій генотипів, що виколосилися під час пізньовесняної сівби у звичайні загальноприйняті осінні строки, при цьому, частіш за все, генотипи ярого типу розвитку підчас зимівлі вимерзають. У підсумку, ми маємо гібридну популяцію з переважною більшістю особин бажаного типу розвитку та скоростиглістю. Оскільки у наступних поколіннях продовжується розщеплення, таку схему чергування по сезонах доводиться повторювати.

На підставі викладеного, у відділі селекції та насінництва ячменю започатковано наступну схему селекційної роботи зі створення нових генотипів ячменю альтернативного типу розвитку (схема 1).

Представлену схему вже апробовано, за

Схема 1. Схема селекційної роботи по створенню нових генотипів ячменю альтернативного типу розвитку відділу селекції та насінництва ячменю СГІ-НЦНС



її допомогою у відділі селекції та насінництва ячменю одержані такі відомі сорти альтернативного типу розвитку як: Дев'ятий вал, Снігова королева, Валькірія та інших.

Висновки.

1. Пропонується теоретичний розрахунок імовірності розщеплення за типом розвитку, у нащадків F_2, від схрещування алельної комбінації. що відповідає за озимий тип розвитку, із генотипами, які належать до семи відомих алельних комбінацій ярого типу розвитку, нащадки були розділені по фенотиповому принципу прояву: тобто, на клас ярого типу та озимого розвитку в який по факту були віднесені як типово озимі, так і генотипи альтернативного типу розвитку.

2. Аналіз показав, що генотипи озимої групи з'являлися у нащадках від схрещування озимих генотипів із всіма групами ярого типу розвитку. Також, за даними розрахунків, вони виникають від схрещування ярих алельних складів між собою, а саме: 3×1; 3×2; 3×4; 5×3; 6×3; 6×4; 7×1; 7×3; 7×4. Саме від таких схрещувань можна очікувати появу найбільш рідкісних рекомбінантів у селекції сортів альтернативного та озимого типів розвитку.

3. Аналіз розщеплення гібридних популяції F_2 на генотипи ті що виколосилися та не виколосилися за пізньовесняного та осіннього строків сівби (2024–2025 рр.) показав, що дослідні генотипи проявляли себе як представники алельних груп типових для першої та четвертої (переважно ярих сортів вітчизняної селекції) та другої, п'ятої та шостої – для сортів західноєвропейської селекції.

4. Апробовано селекційний метод масового добору генотипів альтернативного типу розвитку який дозволив у відділі селекції та насінництва ячменю одержати такі відомі сорти альтернативного типу розвитку як: Дев'ятий вал, Снігова королева, Валькірія.

Використана література

1. Лінчевський А. А., Легкун І. Б. Нове ставлення до культури ячменю і селекція в умовах зміни клімату. *Вісник аграрної науки*. Том 98. № 9, 2020. С. 34–42. https://doi.org/10.31073/agrovisnyk202009-05
2. Шеремет О. М. Підсумки селекції озимого ячменю у Селекційно-генетичному інституті за період 1984–2007 рр. О. М. Шеремет *Зб. наукових праць Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннєзнавства та сортовивчення*. 2008. Вып. 12 (52). С. 96–105.
3. Легкун И.Б. Создание и оценка сортов ячменя озимого на групповую устойчивость к головневым заболеваниям. Вавиловский журнал генетики и селекции. № 19 (2). 2015. С. 191–196.
4. Стельмах А.Ф. Зв'язок реакції яровизації та фоточутливості у дворучок і озимих сортов ячменю. А. Ф. Стельмах, А. А. Лінчевський, В. І .Файт. *Збірник наукових праць СГІ-НЦ НС*. Вип. 10 (50). 2007. С. 33–39.
5. TAKAHASHI, R. and S. YASUDA 1956. Genetic studies of spring and winter habit of growth in barley. Ber. Ohara Inst. landw. Biol. Okayama U. 10: 245–308
6. Takahashi, R., and S. Yasuda . 1971. Genetics of earliness and growth habit in barley. p. 388–408. In R.A. Nilan (ed.) Barley Genetics II. Proc. Second Int. Barley Genet. Symp., Pullman, WA, 1969. Washington State Univ. Press, Pullman.
7. Yasuda, S. 1981. Comparison of yield and some yield components among strains with different genetic combinations of spring genes in barley. Barley Genet. Newsl. 11:38–40.

References

1. Linchevsky, A. A., Lehkun, I. B. New attitude to barley culture and selection in conditions of climate change. (2020). *Visnyk ahrarnoi nauky* [Bulletin of Agricultural Science], *98 (9),* 34–42. https://doi.org/10.31073/agrovisnyk202009-05
2. Sheremet, O. M. Results of winter barley breeding at the Breeding and Genetic Institute for the period 1984–2007 (2008). *Zbirnyk naukuvykh prats Selektsiino-genetycnoho instytutu – Natsionalnoho tsentru nasinnieznavstva ta sortovyvchennia* [Collection of scientific works of the Breeding and Genetic Institute – National Center for Seed Science and Variety Research], *12 (52),* 96–105.
3. Lehkun, I. B. Creation and assessment of winter barley varieties for group resistance to head diseases. (2015). *Vavilovsky Journal of Genetics and Selection* [Vavilov Journal of genetics and breeding], *19 (2),* 191–196.
4. Stelmakh, A. F., Linchevsky, A. A., Fait, V. I. The relationship between the vernalization reaction and photosensitivity in two-row and winter barley varieties (2007). *Zbirnyk naukuvykh prats Selektsiino-genetychnoho instytutu – Natsionalnoho tsentru nasinnieznavstva ta sortovyvchennia* [Collection of scientific works of the Breeding and Genetic Institute – National Center for Seed Science and Variety Research], *10 (50),* 33–39.
5. Takahashi, R., Yasuda, S. (1956). Genetic studies of spring and winter habit of growth in barley. Ber. Ohara Inst. landw. Biol. Okayama U. 10: 245–308.
6. Takahashi, R., and S. Yasuda S. (1971). Genetics of earliness and growth habit in barley. p. 388–408. In R.A. Nilan (ed.) Barley Genetics II. Proc. Second Int. Barley Genet. Symp., Pullman, WA, 1969. Washington State Univ. Press, Pullman.
7. Yasuda, S. (1981). Comparison of yield and some yield components among strains with different genetic combinations of spring genes in barley. *Barley Genet. Newsl.*, *11*, 38–40.

UDC 681.527:633.16:632.938
Lehkun, I. B., Sheremet, O. M., Kovtun, I. V., Skvortsova, K. O., Shcherbina, Z. V. Creation of new barley genotypes of winter and alternative types of development. *Grain Crops. 9 (2). 2025. 239–248.*
Breeding and Genetic Institute – National Center for Seed Science and Variety Research, 3 Ovidiopolska Road, Odesa, 65036, Ukraine

Topicality. The world gene pool of barley (*Hordeum vulgare L*) of winter and alternative development types is quite narrow in terms of genetic diversity, therefore, it requires a constant search for new genetic plasma in terms of breeding. **Purpose.** Search for new methods for creating genotypes of winter and alternative development types. **Materials and Methods.** Based on the known existing allelic formulas for controlling the development type (according to Takahashi and Yasuda [4, 5]), the probability of genotypes of different development types occurring when classes are crossed with each other was calculated using the classical genetic method of offspring distribution for independent inheritance – the Punnett square. A test evaluation of spring barley varieties currently involved in the breeding process at the Barley Breeding and Seed Department was conducted to determine their belonging to a specific allele group of the spring development type. tThe χ^2 criterion was used to assess the difference between the observed and expected variation series of genotypes by development type. A method for field evaluation and distribution of genotypes of F_2 hybrid populations by development type is proposed. **Results.** A theoretical calculation of the probability of splitting by type of development in F2 offspring from crossing the allele combination responsible for the winter type of development with genotypes belonging to seven known allele combinations of the spring type of development is proposed. The offspring were divided according to the phenotypic principle of manifestation, i.e. into the spring development type class and the winter development manifested type class, which in fact included both typical winter genotypes and alternative development type genotypes. The analysis showed that the genotypes of the winter group appeared in the offspring from the crossing of winter genotypes with all groups of the spring development type. Also, according to calculated data, these genotypes are produced by crossing spring allelic compositions with each other, namely: 3×1; 3×2; 3×4; 5×3; 6×3; 6×4; 7×1; 7×3; 7×4. A breeding method for mass selection of genotypes with an alternative development type has been tested, which allowed the Barley Breeding and Seed Production Department to obtain such well-known varieties with an alternative development type as: Deviatyi Val, Snihova Koroleva, Valkiriia and many others.

Key words: *barley, breeding, hybridisation, selection, spring, alternative, winter type of development*