

В. В. Чернуський, О. А. Дубова,  
В. М. Сінченко, М. В. Бузинний,  
А. М. Чайка, В. І. Гореленко

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ  
СОРЕВ-СИТЕТИКІВ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ  
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ  
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ  
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ  
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ  
ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ ПРОГРЕСИВНИХ  
ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ F<sub>1</sub>  
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ  
ІННОВАЦІЙНИХ МЕТОДІВ ТОЧНОГО  
ФЕНОТИПУВАННЯ**

Науково-методичні рекомендації

Київ 2025



**НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ  
ІНСТИТУТ БІОЕНЕРГЕТИЧНИХ КУЛЬТУР І ЦУКРОВИХ БУРЯКІВ**

**В. В. Чернуський, О. А. Дубова, В. М. Сінченко,  
М. В. Бuzинний, А. М. Чайка, В. І. Гореленко**

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ  
СОРЕТІВ-СИНТЕТИКІВ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ  
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ  
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ  
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ  
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ  
ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ ПРОГРЕСИВНИХ  
ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ  $F_1$   
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ  
МЕТОДІВ ТОЧНОГО ФЕНОТИПУВАННЯ**

**Науково-методичні рекомендації**

**Київ 2025**

УДК 633.31/37; 635.65; 581.5; 514.7; 57.087.2  
<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-27-2>

*Рекомендовано до опублікування вченою радою  
Інституту біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН  
(протокол № 17 від 3 листопада 2025 р.)*

### **Рецензенти:**

**С. Д. Орлов**, доктор с.-г. наук, старший науковий співробітник;  
**В. І. Войтовська**, кандидат с.-г. наук, старший науковий співробітник  
(Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН)

**Чернуський В. В., Дубова О. А., Сінченко В. М., Бузинний М. В., Чайка А. М., Гореленко В. І.** Створення синергетично-компаративних сортів-синтетиків пшениці озимої з підвищеним рівнем продуктивності і адаптивності. Інноваційна методологія створення поліпшених за комплексом господарсько-цінних ознак гібридів шляхом застосування прогресивних технологій аналізу нащадків F<sub>1</sub> на платформі використання інноваційних методів точного фенотипування: науково-методичні рекомендації / НААН України, Ін-т біоенергет. культ. і цукр. буряків. Електрон. вид. Київ: ІБКіЦБ НААН, 2025. 26 с.

ISBN 978-617-8706-27-2 (PDF)

Викладено інноваційну концепцію створення синергетично композитних сортів і популяцій-синтетиків озимої пшениці, що поєднує принципи класичної селекції з сучасними інструментами точного фенотипування, епігенетичного моніторингу та фрактально-синергетичного аналізу популяцій. Запропонована технологічна платформа ґрунтується на розумінні пшениці як відкритої нелінійної системи, у якій параметри продуктивності формуються через взаємодію морфологічних модулів, генотип × середовище та епігенетичних каскадів, що визначають адаптивні траєкторії розвитку синтетиків. Методологія орієнтована на створення композитів як багатолінійних утворень зі збалансованим рівнем дивергентної гетерогенності, що забезпечує стійку реалізацію гетерозисних ефектів на ранніх та пізніх етапах органогенезу.

Наведено механізми створення F<sub>1</sub>-гібридів з контрольованою структурою гетерозиготності, включно з використанням материнських та батьківських форм із комплементарними параметрами адаптивності та продуктивності. Показано, як за допомогою точного фенотипування можна достовірно виокремити ранні гетерозисні реакції – підвищення лінійного росту, прискорене формування фотосинтетичного апарату, збільшення фрактальної ємності асиміляційної системи та посилення кооперативності між органами, що створює основу для формування синергетично стабільних синтетиків. Інтеграція фізико-математичних індикаторів, зокрема індексів Герста, локальної ентропії морфометричних матриць та ляпуновських характеристик динаміки росту, дозволяє об'єктивізувати ступінь гетерозису та визначити його потенціал у контексті майбутніх селекційних циклів.

**УДК 633.31/37; 635.65; 581.5; 514.7; 57.087.2**  
**<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-27-2>**



Цей твір поширюється на умовах ліцензії CC BY-NC-SA 4.0  
(Creative Commons «Attribution-NonCommercial-ShareAlike» 4.0 International)

**ISBN 978-617-8706-27-2 (PDF)**

© Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН, 2025  
© Колектив авторів, 2025

## **ЗМІСТ**

<b>Вступ .....</b>	<b>4</b>
<b>1. Теорія гетерозису і особливості його використання у самозапильних культур .....</b>	<b>5</b>
<b>2. Практика використання гетерозису в селекційних програмах пшениці м'якої озимої Білоцерківської ДСС .....</b>	<b>14</b>
<b>3. Протокол визначення кількості колосів та їх параметрів на продуктивних стеблах у сорту Чародійка та математично-статистичне переформатування матриць .....</b>	<b>21</b>
<b>Висновки .....</b>	<b>25</b>
<b>Список літератури .....</b>	<b>26</b>

## Вступ

На зерно пшениці припадає 21 % загальної кількості харчових калорій, 20 % білка та 55 % вуглеводів, які споживають 4,5 млрд людей у всьому світі. Пшениця є основним продуктом харчування для 36 % населення світу та однією з найпопулярніших зернових культур на планеті [1].

Гібридна пшениця (*Triticum aestivum* L.) пропонує потенціал для подолання стагнації врожайності пшениці у світі пов'язаною зі зміною клімату за допомогою гетерозису. Але для того, щоб цей потенціал підвищення врожайності був реалізований, рівень гетерозису має бути адекватним [2].

Транслокації рослин, є цінними додатковими методами для адаптації до змін середовища існування. Привнесення нових генетичних варіантів може сприяти збільшенню генетичного різноманіття та еволюційної стійкості, протидіяти депресії інбридингу та покращувати придатність рослин через гетерозис. Великі популяції з високою генетичною змінністю зазвичай рекомендуються як джерела для транслокації [3].

Гібридні сорти з покращеною врожайністю та іншими сприятливими агрономічними ознаками широко використовуються в рослинництві. Для пшениці, однієї з найважливіших основних культур, комерційна гібридна селекція та виробництво насіння все ще обмежені нішевим сектором порівняно з іншими зерновими, такими як кукурудза чи рис. Наразі для європейського ринку зареєстровано обмежену кількість гібридних сортів пшениці на основі агентів хімічної гібридизації (СНАs, гаметоцити). У Китаї та Індії гібридна пшениця виробляється на основі систем цитоплазматичної чоловічої стерильності (СМS) або систем фотоперіодичної чутливості стерильності. Основними практичними обмеженнями для більш широкого використання гібридної пшениці є потужності та витрати на виробництво насіння, але досягнуто прогресу в покращенні доступності та економічної конкурентоспроможності гібридної пшениці. Зрештою, економічно успішне широке впровадження гібридної пшениці вимагатиме поєднання практичної та недорогої системи виробництва гібридного насіння, високої продуктивності за такими ознаками, як врожайність зерна та стабільність врожайності, а також ефективної схеми селекції для подальшого вдосконалення [4].

Глобальна продовольча безпека вимагає розробки та впровадження нових технологій для збільшення та забезпечення виробництва зернових на обмежених орних землях без збільшення використання води та добрив. Існує кілька варіантів підвищення врожайності пшениці, але більшість із них пропонують лише незначне збільшення врожайності. Пшениця є інбредною рослиною, а гібриди мають потенціал для значного збільшення врожайності та відкриють широкий спектр нових можливостей для селекції. Необхідна низка технологічних досягнень як основа для програм гібридної пшениці. Вони починаються зі значних змін у розвитку та

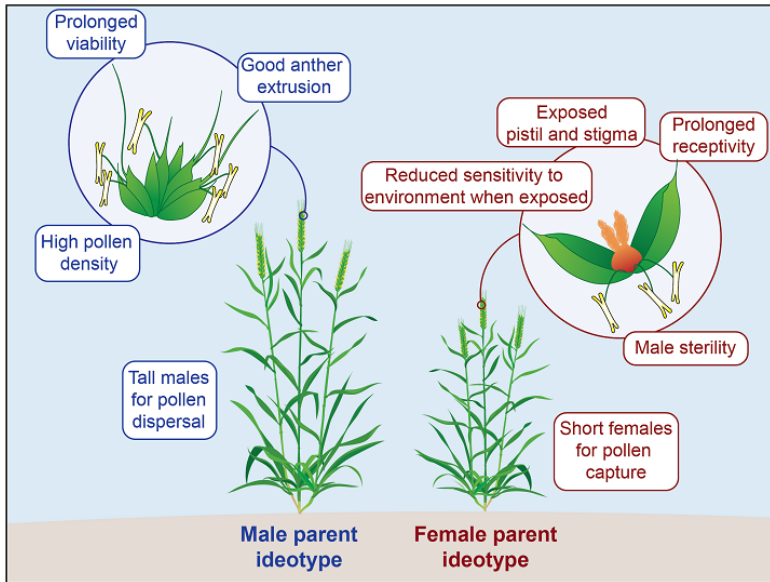
архітектурі квітки, щоб розділити статі та примусити до ауткросингу. Чоловіча стерильність є найкращим методом блокування самозапилення, а модифікація структури квітки покращить доступ пилку. Нещодавній вибух геномних ресурсів і технологій надає нові можливості для подолання цих обмежень. Особливо проблем з існуючими системами селекції гібридної пшениці та дослідженню молекулярних технологій, які могли б покращити систему виробництва гібридів, щоб знизити витрати на виробництво гібридного насіння, що є необхідною умовою для комерційної системи гібридної пшениці [5].

На закінчення слід відмітити роль епігенетики у гетерозисі рослин. Зокрема епігенетичні модифікації мають велике значення для пояснення гетерозису, особливо метилювання ДНК, модифікації малих РНК і гістонів. Загалом рівень метилювання гібридів із гетерозисом вищий, ніж середній рівень метилювання батьків, але не всі високі рівні метилювання відіграють роль у гетерозисі. Гетерозис має сильну кореляцію зі зміною рівня метилювання та структури конкретних сайтів. Диференціальна експресія малих РНК у гібридів та їх регуляторний вплив на цільові гени може різною мірою впливати на біомасу та врожайність зерна гібридів. Деякі гістони, виявлені в гібридах, можуть бути пов'язані з гетерозисом, наприклад H3K9ac, H3K4me2 і H3K4me3. А різні типи модифікації гістонів можуть регулювати гени, пов'язані з фотосинтезом, циркадним ритмом і метаболічним рівнем, що призводить до гетерозису в гібридах. Однак через велику кількість гістонів і різноманітність методів їх модифікації регуляторний механізм між гістонами та гетерозисом потребує подальших досліджень. Враховуючи, що на експресію генів впливає метилювання ДНК, модифікація гістонів і некодуюча РНК, селекціонери прийняли також фактор епігенетичного розведення. Епігенетика відноситься до фенотипової варіації, яка не спричинена змінами функцій генів через зміни послідовностей ДНК. Епігенетичне регулювання може відповідати експресії рослинних генів на трьох рівнях, а саме: метилюванню ДНК, модифікації гістону та впливу некодуючої РНК, усі з яких тісно пов'язані з утворенням гетерозису. Епігенетичні фактори є одними з ключових факторів, які визначають продуктивність гібрида [6].

## **1. Теорія гетерозису і особливості його використання у самозапильних культур**

Генетична відстань між батьківськими інбредними лініями, як правило, є гарним відправним пунктом для селекції на гетерозис; однак, крім цього, не існує єдиної об'єднуючої теорії, яка б адекватно враховувала всі компоненти та механізми гетерозису. Більше того, деякі теорії та фактори, що сприяють цьому, не обов'язково є послідовними для всіх видів рослин, що свідчить про видоспецифічний контроль гетерозису. Хоча

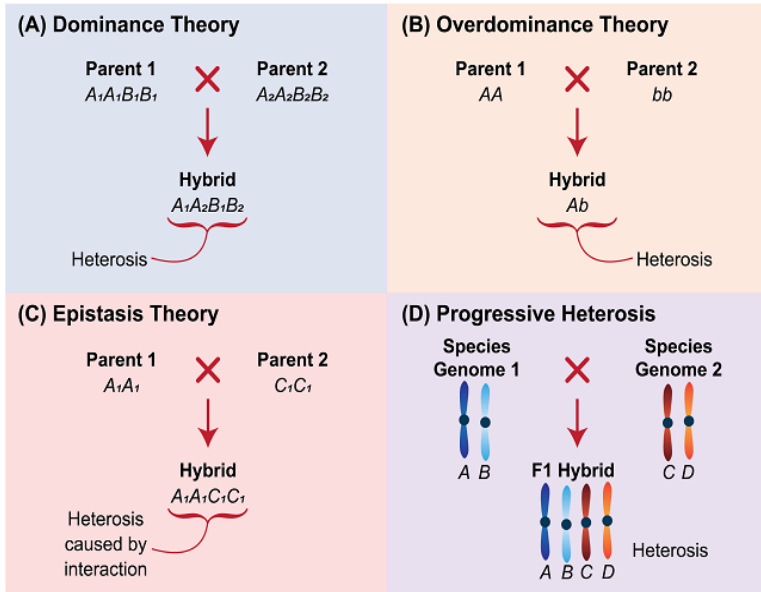
молекулярні та фізіологічні досягнення допомагають нам зрозуміти гетерозис у багатьох видів сільськогосподарських культур, відносно відсутність прогресу у пшениці можна певною мірою пояснити труднощами у виробництві великої кількості гібридів та складністю її геному. Гетерозис – це нелінійна та значною мірою кількісна ознака, яка є результатом численних ефектів, які можна пояснити гетерозиготністю та взаємодією генів. Розроблено уніфікований, всеохоплюючий та видоспецифічний підхід, який поєднує всі сучасні технології гетерозисної селекції пшениці (рис. 1, 2, 3. з поясненнями) [7].



**Рис. 1. Чоловічі та жіночі ідеотипи для репродуктивних та фізіологічних характеристик батьківських ліній пшениці для успіху гетерозису**

Дані про рівень гетерозису за врожайністю зерна в умовах вирощування австралійської пшениці в посушливих районах є важливими, перш ніж можна буде прийняти будь-яке рішення щодо виділення ресурсів на селекцію гібридної пшениці. У Наррабрі, штат Новий Південний Вельс, були проведені експерименти для визначення рівня та стабільності гетерозису за врожайністю зерна, що проявляється у гібридів F<sub>1</sub>, отриманих від схрещування адаптованих австралійських сортів. Гібриди та їхні батьківські сорти вирощувалися на пагорбових ділянках у повторних експериментах з трьома термінами сівби протягом двох років (шість середовищ). Гібриди перевершили своїх батьків за врожайністю в кожному з шести середовищ з рівнями середнього та високого гетерозису батьків до

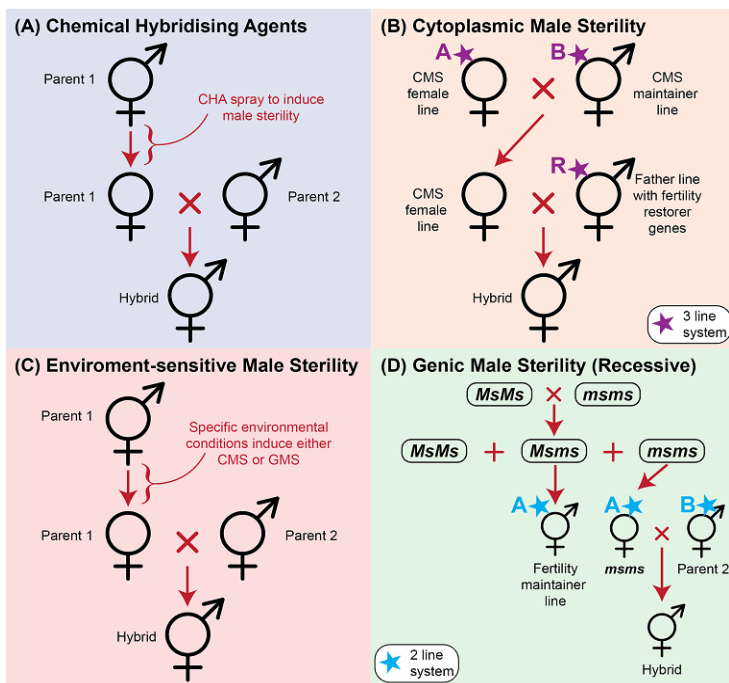
31,5 та 26,8 % відповідно. Найкращий гібрид перевершив найкращий контрольний сорт із середнім запасом врожайності 18,2 %.



**Рис. 2. Чотири найпоширеніші генетичні теорії для пояснення явища гетерозису**

(A) Теорія домінування, в якій комбінація кількох вищих домінантних алелів від обох батьків індукує гетерозис у гібридного потомства. (B) Теорія надмірного домінування, в якій Батько 1 є гомозиготним за  $r$  і  $t$  і домінантним, Батько 2 є гомозиготним за рецесивним геном, а отриманий гібрид є гетерозиготним і проявляє гетерозис. (C) Теорія епістазу, в якій гени  $c$  і  $d$  у Батька 1 впливають на ефект генів Батька 2 при їх поєднанні у гібридному потомстві, і ця взаємодія призводить до гетерозису. (D) Прогресивний о гетерозис, в якому поліплоїдизація призводить до гетерозису у гібрида.

Гібриди були незначно стабільнішими за врожайністю в різних середовищах, ніж їхні батьківські. Хоча гетерозис за вмістом білка в зерні був загалом негативним, деякі гібриди перевершували контрольні сорти як за врожайністю зерна, так і за вмістом білка. Аналіз компонентів врожайності не виявив послідовної закономірності, за якою найкращі гібриди отримали перевагу в врожайності над своїми батьками. Рівень гетерозису та абсолютна перевага врожайності, продемонстровані гібридами над найкращими чистолінійними контрольними сортами, були достатніми для підтримки комерційного виробництва гібридних пшениць у північній частині Нового Південного Вельсу [8].



**Рис. 3. Чотири сучасні підходи до отримання гібридів у традиційно самоzapильованих культурах, таких як пшениця**

(A) Хімічний гібридизуючий агент (CHA) у g система, яка індукує чоловічу стерильність у Батька 1 шляхом хімічного застосування. (B) Цитоплазматична система чоловічої стерильності (CMS), за допомогою якої мітохондріальна ДНК u e що індукує бажану чоловічу стерильність, переноситься на жіночу батьківську особину та підтримується за допомогою ліній схрещування A та B. Отриману жіночу особину схрещують з чоловічою особиною s t o (лінія R), яка повинна містити гени відновлення фертильності. (C) Спрощений огляд підходу до чоловічої стерильності, що враховує вплив навколишнього середовища. (D) Приклад п підходу до генетичної чоловічої стерильності (GMS) з використанням рецесивних генів ms для індукції чоловічої стерильності у жіночої батьківської особини. У цій системі гетерозиготне потомство 0 8 ( $M_s m_s$ ) від схрещування для отримання самиці має гени відновлення фертильності, що дозволяють підтримувати жіночу лінію, а гомозиготне рецесивне потомство A u ( $m_s m_s$ ) є матір'ю-самкою, яка використовується для виробництва гібридного.

Для встановлення комерційно успішного рівня гетерозису, елітні лінії озимої пшениці з селекційних програм Університету Небраски-Лінкольна (UNL) та Техаського університету A&M (TAMU) були схрещені за повнодіалельною схемою  $25 \times 25$  з використанням хімічного гібридизуючого гоагента (CHA) для отримання експериментальних гібридів. Ці гібриди були

висаджені за модифікованою розширеною схемою з комерційними контрольними сортами та батьківськими культурами в МакГрегорі, штат Техас, у 2016 році ( $n = 612$ ) та Грінвіллі та Бушленді, штат Техас, у 2017 році ( $n = 470$ ) для оцінки гетерозису врожайності та комбінаційної здатності. Підмножина гібридів ( $n = 333$ ) була повторена між роками. Вплив гетерогенності поля на врожайність зерна був скоригований за допомогою просторового моделювання в ASReml-R. Комерційний гетерозис коливався від  $-78,3$  до  $20,4$  % у 2016 році та від  $-32,9$  до  $6,2$  % у 2017 році. Гетерозис за рахунок високих батьківських штамів (НН) коливався від  $-70,4$  до  $54,3$  % у 2016 році та від  $-26,9$  до  $29,2$  % у 2017 році. Дисперсія загальної комбінаційної здатності (GCA) була значно вищою за нуль, тоді як дисперсія специфічної комбінаційної здатності (SCA) не була. Значний материнський ефект був виявлений у деяких протестованих схрещуваннях шляхом обчислення взаємних ефектів між схрещуваннями та оцінки дисперсій. Це вказує на те, що більша частина гетерозису зумовлена адитивним, а не домінантним ефектом. Ці результати свідчать про використання GCA для підвищення врожайності, водночас підкреслюючи необхідність розвитку гетеротичних пулів для максимізації ефектів SCA та домінування [2].

Виробництво гібридного насіння вимагає забезпечення ефективного перехресного запилення між інбредними лініями пшениці, яке долає природний автогамний режим запилення пшениці. Практично це досягається шляхом посадки материнських рослин зі чоловічою стерильністю та хорошими властивостями реципієнта пилку поблизу батьківських рослин з хорошими властивостями пилкування. Таким чином, ефективна чоловіча стерильність материнських рослин є загальною вимогою, яка може ґрунтуватися на різних механізмах. Було докладено значних зусиль для впровадження цитоплазматичної чоловічої стерильності (ЦЧС) для селекції гібридної пшениці. Хоча ЦЧС функціональна в інших важливих зернових культурах, таких як рис та жито, вона виявилася важкою у розробці, складною у підтримці та малонадійною для пшениці. Хоча цитоплазми, що викликають стерильність, були ідентифіковані (наприклад, у *Triticum timopheevii*), надійні гени-відновники для пшениці ще недоступні, а системи CMS часто чутливі до факторів навколишнього середовища, зокрема до температури та фотоперіоду. Таким чином, наразі немає системи CMS пшениці з більш ніж регіональним застосуванням для виробництва гібридного насіння. Натомість, сучасне комерційне виробництво гібридної пшениці в основному базується на застосуванні хімічно активованих полів (СНА) у полі, що запобігає утворенню життєздатного пилку на материнському партнері для схрещування. На виробничій ділянці материнську лінію висаджують смугами, що чергуються зі смугами ліній-донорів пилку, а материнські рослини обприскують СНА, тоді як обробка батьківських рослин суворо уникається. Потім гібридне насіння збирають із запилених материнських рослин, щоб отримати потомство  $F_1$ , яке потім

демонструє ефект гетерозису (гібридної сили). Регулятор росту рослин Croisor®100 (Sintofen, раніше Dupont-Hybrinova, Saaten Union Recherche, Франція) наразі є єдиним хімічно активованим сорбітом (ХА) для пшениці, зареєстрованим у Європі для комерційного виробництва. Хоча сучасні ХА в принципі функціональні для широкого спектру генотипів і демонструють відносно низьку фітотоксичність у пшениці, вони все ще мають обмеження, такі як порушення проростання насіння на оброблених рослинах або варіації польової ефективності залежно від погодних умов на момент застосування [4].

Ryan Whitford et al. окреслено проблеми з існуючими системами селекції гібридної пшениці та досліджено молекулярні технології, які могли б покращити систему виробництва гібридів, щоб знизити витрати на виробництво гібридного насіння, що є необхідною умовою для комерційної системи гібридної пшениці (рис. 4 відображено гібридні системи селекції, що використовують різні способи контролю запилення) [5].

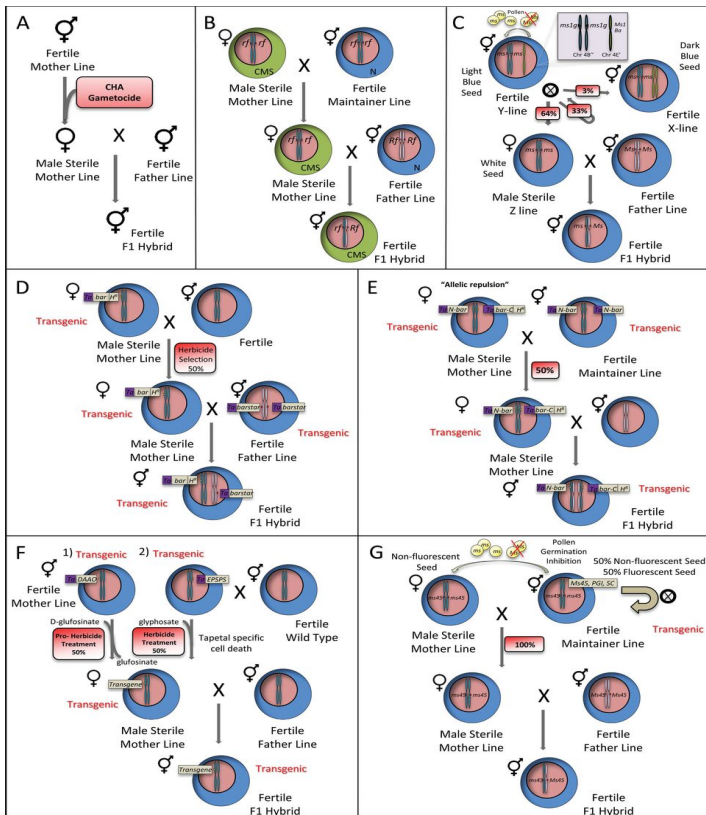


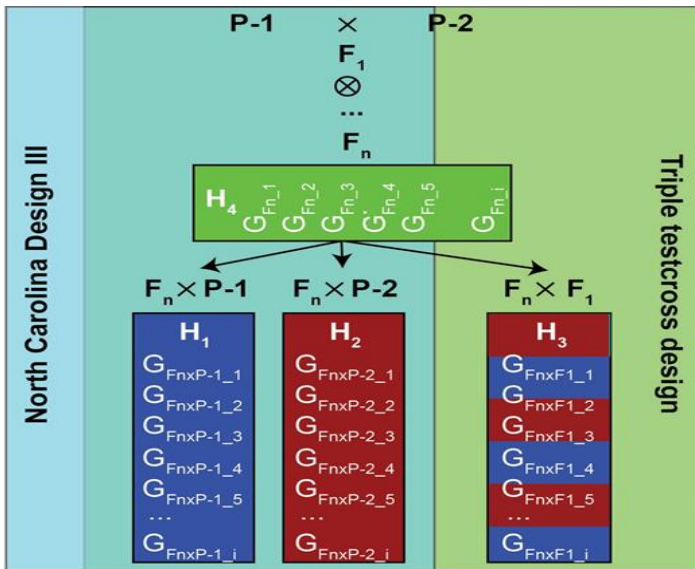
Рис. 4. Гібридні системи селекції, що використовують контроль запилення

(A) Хімічні гібридизуючі агенти (ХГА). (B) Гібридна система селекції на основі CMS. Особини незалежно успадковують цитоплазматичну чоловічу стерильність (CMS) або нативну (N) цитоплазму, а також ядерно-кодовані локуси відновлення (Rf, rf). (C) XYZ-подібна гібридна система селекції пшениці 4E-ms (Zhou et al., 2006), заснована на безумовно-рецесивному мутанті ms1 зі чоловічою стерильністю, розташованому на хромосомі 4BS (наприклад, мутантний алель ms1g). Фертильність може бути відновлена гомозиготному мутантові зі чоловічою стерильністю (Z-лінія) шляхом дії Ms1 на чужорідну хромосому 4E (*Agropyron elongatum* ssp. *ruthenicum* Beldie). Насіння, моносомне за 4E (Ms1) (лінія Y), ідентифікується за світло-блакитним алейроном (Ba), тоді як дисомічне насіння (лінія X) ідентифікується за темно-синім забарвленням. 4E погано передається через чоловічу зародкову лінію, коли рослини, моносомні за 4E, самозапильються, що призводить до 64 % потомства з білим насінням. (D) Двокомпонентна трансгенна система Barnase/Barstar, в якій специфічна для тапетальних клітин експресія (Ta) Barnase (bar) індукуює чоловічу стерильність. Зв'язування bar з геном стійкості до гербіцидів (HR) дозволяє проводити позитивний відбір у польових умовах особин зі чоловічою стерильністю шляхом обприскування гербіцидами. Барназу можна інактивувати інгібітором Barstar (barstar), що призводить до відновлення фертильності. (E) Розщеплена барназа в трансгенній системі алельного відштовхування, що індукуює чоловічу стерильність. Специфічна для тапетальних клітин експресія (Ta) комплементарних фрагментів гена барнази (N-bar, bar-C) розташована в алельних позиціях. Лігування білкових фрагментів через інтеїн-опосередкований транс-сплайсинг білка індукуює активність Барнази та чоловічу стерильність. Алельне розташування комплементарних bar фрагментів призводить до повної сегрегації під час мейозу, що призводить до чоловічої фертильності та зав'язування насіння у потомстві гібрида F1. (F) Трансгенні системи контролю запилення з прогербіцидами (1) та гербіцидами (2). (1) Специфічна експресія d-амінокислотної оксидази (DAAO) у клітинах тапеталу перетворює d-глюкофосинат на цитотоксичний глюкофосинат, що призводить до чоловічої стерильності. (2) Специфічна комбінація промотор-інтрон керує експресією 5-енолпірувілшкікат-3-фосфатсинтази (EPSPS) у всіх тканинах, крім клітин тапеталу та мікроспор, індукуючи стерильність після застосування гербіциду гліфосату. (G) SPT використовує трансгенну лінію-підтримувач для розмноження гомозиготної мутантної материнської лінії з чоловічою стерильністю (ms45). Трансген-підтримувач містить домінуючий відновлювач фертильності (Ms45) та маркер кольору насіння (SC) і біологічно утримується в лінії-підтримувачі завдяки дії інгібітора проростання пилку (PGI). SC дозволяє візуально відокремити трансгенне насіння-підтримувач від нетрансгенного насіння з чоловічою стерильністю. Гібриди F1, отримані в результаті цього процесу, не є трансгенними.

Ryan Whitford et al. відзначає, що головною метою гібридної селекції є систематичне використання гетерозису. Очікується, що гетерозис гібрида зростатиме з генетичною дивергенцією між його батьками. Отже, групування ліній у генетично дивергентні гетеротичні пули має першорядне значення для максимального використання гетерозису. Не очікується, що генетично дивергентні групи існуватимуть в елітній зародковій плазмі пшениці, адаптованій до певного цільового середовища, через

інтенсивний обмін елітними лініями. Використання ліній з різних цільових середовищ було запропоновано як метод сприяння генетичному різноманіттю між пулами. Однак цей підхід ускладнюється різними вимогами до яровизації, фотоперіоду, якості та морозостійкості. Отже, потрібні складні рішення для розробки генетично різних груп з високою гетеротичною комбінаційною здатністю до врожайності зерна в поєднанні з високою кінцевою якістю. Краще розуміння основних генетичних механізмів гетерозису є ключовим кроком до систематичного розвитку взаємодоповнюючих груп ліній, що демонструють високий гетерозис. Гетерозис можна пояснити генетично: (i) спільною дією кількох локусів, де сприятливий алель є частково або повністю домінантним, (ii) надмірною дією генів у багатьох локусах, та/або (iii) епістатичними взаємодіями між неалельними генами. Були проведені різні класичні кількісні генетичні експерименти для з'ясування поширених дій генів, що лежать в основі гетерозису. Однак результати цих досліджень мають обмежене застосування, оскільки оцінені параметри відображають чистий внесок ефектів генів, підсумованих по всіх локусах. Кількісне картування локусів ознак забезпечує засіб визначення відносної важливості цих генетичних механізмів у гетерозисі. Для з'ясування генетичної основи гетерозису було застосовано два відомих експериментальних дизайни: дизайн Північної Кароліни III (NCIII) та дизайн потрійного тестового схрещування (ТТС) (рис. 5). У NCIII сегрегуюча популяція, отримана в результаті схрещування двох інбредних ліній, зворотно схрещується з її батьками. ТТС є розширенням NCIII, де сегрегуюча популяція додатково зворотно схрещується з гібридом двох батьків. NCIII дозволяє ідентифікувати локуси, що сприяють гетерозису. Важливо зазначити, однак, що внесок конкретного гена в генетичну варіацію гетерозису є функцією його ефекту домінування та його кумулятивних ефектів взаємодії з усіма іншими локусами в геномі. Хоча NCIII не дозволяє подальшого розділення гетерозисного ефекту на основні компоненти та компоненти взаємодії, ТТС дозволяє перевірити наявність принаймні деяких типів ефектів взаємодії [5].

Дослідження було проведено з метою виявлення гетерозотичного ефекту та фенотипової кореляції між численними ознаками врожайності гібридів F<sub>1</sub> гексаплоїдної пшениці (*Triticum aestivum* L.). Експериментальний дизайн складався з шести батьківських варіантів (Sonalika, Balaka, Prodip, Kanchan, Agrahani та Protiva), які були схрещені, та отримано дев'ять можливих комбінацій схрещування (гібриди F<sub>1</sub>) (Prodip × Agrahani, Balaka × Agrahani, Prodip × Protiva, Protiva × Agrahani, Agrahani × Kanchan, Kanchan × Sonalika, Protiva × Prodip, Sonalika × Agrahani та Prodip × Kanchan). Експериментальні поля були відібрані та розташовані за рандомізованою повною блочною схемою з чотирма повторностями, де було вивчено вісім ознак.



**Рис. 5. Експериментальні плани для визначення генетичної основи гетерозису**

Як NCIII, так і ТТС-плани починаються з сегрегаційної популяції F<sub>2</sub>, що має і рослинних особин, створених шляхом схрещування двох батьківських інбредних ліній (P-1 та P-2), які відрізняються за ознакою, яка цікавить. Замість самозапилення F<sub>2</sub> для отримання потомства F<sub>2:3</sub>, у схемі NCIII всі особини F<sub>2</sub> піддаються зворотному схрещуванню як жіночі батьки з пилом від кожної батьківської лінії: P-1 та P-2. Особини у двох отриманих лініях, позначені GFnxP-1<sub>i</sub> та GFnxP-2<sub>i</sub>, потім оцінюються за досліджуваними фенотипами. У схемі ТТС особини F<sub>2</sub> додатково піддаються зворотному схрещуванню з F<sub>1</sub> для отримання третьої лінії GFnxF1<sub>i</sub>. Третя лінія надає додаткову інформацію для розрізнення домінантних ефектів.

Середньоквадратичний дисперсійний аналіз показав, що гібриди суттєво відрізнялися ( $p \leq 0,01$ ) за всіма досліджуваними ознаками, окрім терміну дозрівання до 75 % днів та висоти рослини, тоді як батьківські рослини не мали відмінностей лише за врожайністю зерна. Середньоквадратичне значення батьківської рослини та гібрида F<sub>1</sub> вказувало на значний гетерозис у гібридах F<sub>1</sub>. Загалом, коефіцієнти кореляції вказували на те, що термін дозрівання до 75 % днів був значним, але негативно корелював з більшістю ознак врожайності, що свідчить про те, що генотипи, які рано дозріли, можуть мати нижчу врожайність. Висота рослин також негативно корелювала з колосом -1, індексом насіння та індексом збору врожаю. Врожайність зерна рослини -1 була значущою та позитивно корелювала з усіма ознаками врожайності. Кореляція вказує на те, що один або кілька інгредієнтів, пов'язаних з виробництвом, можна використовувати як час відбору рослин з вищими ознаками врожайності та більшими зернами [9].

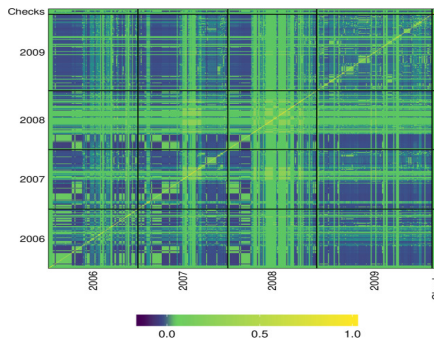
## 2. Практика використання гетерозису в селекційних програмах пшениці м'якої озимої Білоцерківської ДСС

Для визначення гіпотетичного та істинного гетерозису та встановлення характеру успадкування кількості зерен з основного колоса у гібридів м'якої озимої пшениці. У 2018–2020 рр. на дослідному полі НВЦ Білоцерківського національного аграрного університету (в умовах наближених до умов експериментальних ділянок Білоцерківської ДСС) було досліджено 45 комбінацій схрещування сортів м'якої озимої пшениці, отриманих від гібридизації різних періодів вегетації. Для визначення гіпотетичного та істинного гетерозису та ступеня фенотипового домінування за кількістю зерен в основному колосі використовувалися загальноприйняті методи. Дослідження показують, що кількість зерен у колосі основного стебла батьківських компонентів гібридизації визначається генотипом і значно залежить від гідротермічних умов року. Автором цієї роботи встановлено вплив материнської цитоплазми на прояв досліджуваної ознаки. Так, при використанні в гібридизації ранньостиглих сортів з материнською формою найбільша середня кількість зерен у основному колосі у гібридів (63,3 шт.) сформувалася у 2019 р. Водночас, за використання в гібридизації середньоранніх, середньостиглих та середньопізніх сортів, максимальна кількість зерен (64,8 шт.) відзначена у 2018 р. При цьому всі гібриди сформували мінімальну кількість зерен у 2020 р. Отримані експериментальні дані свідчать про вплив батьківських генотипів та умов року на показники гетерозису та ступінь фенотипового домінування у гібридів першого покоління. Визначено, що найпоширенішим типом успадкування (85,6 %) кількості зерен з основного колоса є позитивне наддомінування. Практичне значення для селекції м'якої озимої пшениці мають вибрані схрещувальні комбінації: Миронівська рання / Золотоколоса, Миронівська рання / Чернява, Білоцерківська напівкарликова / Чернява, Білоцерківська напівкарликова / Антонівка, Кольчуга / Антонівка, Золотоколоса / Чарнява, Золотоколоса / Єдність, Чернява / Відрада, Чернява / Столична, Щедра Нива / Добірна, Антонівка / Столична, Добірна / Пивна, які значно перевищували середню кількість зерен з основного колоса для  $F_1$  на змінних полях за гідротермічних умов у роки досліджень [10].

У озимої пшениці (*T. aestivum*) розробка методології оцінки генетичної дивергенції між батьківськими лініями, у поєднанні зі знанням батьківської продуктивності, може бути корисною для прогнозування продуктивності основного потомства. Пов'язано гетерозис  $F_2$  за врожайністю зерна та його компонентами у 116 схрещуваннях з двома незалежними оцінками генетичної дивергенції серед 28 батьківських генотипів різного походження. Генетичну дивергенцію між батьками оцінювали за (а) родовідними зв'язками (коефіцієнтами спорідненості), визначеними без експериментів, та (б) кількісними ознаками, виміряними протягом двох

років польових експериментів у Канзасі та Північній Кароліні, США. Ці відстані, позначені (1 - r) та G відповідно, забезпечили значну диференціацію між батьками. 116 груп F<sub>2</sub> були оцінені у чотирьох місцях у Канзасі та Північній Кароліні протягом одного року. Значні рангові кореляції 0,46 (P = 0,01) та 0,44 (P = 0,01) спостерігалися між G та врожайністю зерна та гетерозисом за кількістю зерен відповідно. Хоча (1 - r) слабо корелював з гетерозисом врожайності зерна, G та продуктивність середніх батьків разом пояснювали 50 % варіації врожайності F<sub>2</sub> серед схрещувань, коли (1 - r) було вище медіани, тоді як вони пояснювали лише 9 % варіації серед схрещувань, коли (1-r) було нижче медіани. Середній батько та (1 - r) мали однаковий вплив на врожайність зерна F<sub>2</sub> (R<sup>2</sup> = 0,40), коли G було більше медіани. Запропоновано стратегію селекції, за якою батьків спочатку відбирають на основі продуктивності як такої, а потім проводять схрещування між генетично дивергентними батьками, які мають як велику кількісну (G), так і родословну дивергенцію (1 - r) [11].

Динаміка комерційної програми розведення передбачає оцінку кількох ознак одночасно у великому наборі цільових середовищ. Таким чином, моделі геномного прогнозування за багатьма ознаками та багатьма середовищами (MTME) можуть використовувати ці набори даних, досліджуючи кореляцію між ознаками та взаємодією генотипу за середовищем (G × E). Оцінено прогностичні здібності однофакторних і багатофакторних моделей прогнозування генома. Результати продемонстрували, що в контексті одного середовища використання моделей із багатьма ознаками завжди було кращим порівняно з їхніми одновимірними аналогами. Крім того, хоча моделі MTME не були особливо успішними у прогнозуванні продуктивності гібридів у невипробувані роки, вони покращили здатність прогнозувати продуктивність гібридів, які не оцінювалися в жодному середовищі. За результатами експериментальних даних отримано матрицю H моделі MTME (рис. 6) [12].



**Рис. 6. Теплова карта матриці H для гібридів, вирощених у різні роки, і загальні перевірки**  
(Загалом з 2006 по 2009 рік було оцінено 415 гібридів.

Кожна кольорова клітинка представляє зв'язок між парою гібридів)

У власних дослідженнях також використовувався матричний аналіз побудований на принципах точного фенотипування рослин для формування бази даних по оцінці тест систем гібридів і материнських рослин (табл. 1). Матриці цифрових фотографій самоафінно перетворювались у математико-статистичні матриці для коректного аналізу параметрів компонентних ознак материнських рослин і гібридів і їх порівняння через додавання, віднімання, перемноження, транспонування тощо для визначення рівнів гетерозису (рис. 7).

Таблиця 1

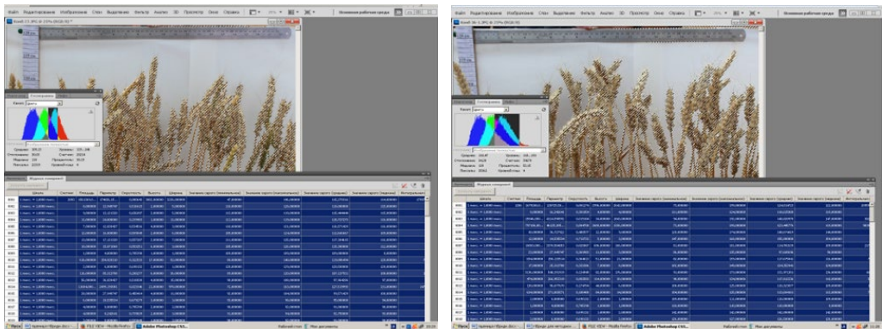
**Комбінації схрещування у тест-системі комбінаційної здатності материнських форм**

Материнська форма	Батьківська форма
БЦ н/к	Білоцерківчанка
Елегія	Білоцерківчанка
Царівна	Білоцерківчанка
Відрада	Білоцерківчанка
Чародійка білоц.	Білоцерківчанка
Царівна	Сопілка
Чародійка білоц.	Сопілка
БЦ н/к	Трембіта білоц.
БЦ н/к	Пам'яті Горлача
Елегія	Пам'яті Горлача
Чародійка білоц.	Пам'яті Горлача
Легенда білоц.	Пам'яті Горлача
Богемія (Чехія)	Царівна
Богемія (Чехія)	Відрада
Не 7888 (Чехія)	Відрада
БЦ н/к	Розумниця
Чародійка білоц.	Розумниця
БЦ н/к	Лірика білоц.
Либідь	Лірика білоц.
Олеся	Лірика білоц.
Царівна	Лірика білоц.
BR 05-009 (Чехія)	БЦ ювілейна
Не 7888 (Чехія)	БЦ ювілейна
БЦ н/к	БЦ ювілейна
Либідь	БЦ ювілейна
BR 05-009 (Чехія)	Романтика

Наведено приклади оцінки гібридів за параметрами колосів через площу, периметр, довжину, ширину, інтегральні ознаки гістограми в системі RGB (рис. 7). Точне фенотипування дозволяє переформувати цифрові фотографії математично-статистичні матриці.

Зокрема, розроблений підхід до переформатування фото у математичні матриці створює нову якість у фенотипуванні селекційного матеріалу. На відміну від класичних методів візуальної оцінки, де фактор суб'єктивності дослідника неминуче впливає на інтерпретацію результатів, математична інтерпретація зображення переводить візуальну інформацію у суворо числову форму. У такому форматі кожен фенотип отримує власну матричну ідентифікацію – набір цифрових параметрів, що можуть бути піддані статистичним операціям, порівнянню та моделюванню.

Для пшениці, як культури з високою пластичністю форм, це особливо важливо, оскільки морфологічні відмінності колосу, довжини ості, компактності зерна й текстури поверхні мають складну полігенну природу. Використання матричних моделей дозволяє виділити ті фенотипові елементи, які стабільно повторюються у різних умовах і мають високу коефіцієнтну спадковість. Наприклад, виявлено, що коефіцієнт форми і фрактальний розмір зерен мають стійку кореляцію із показником вирівняності насіння, що можна використати для непрямого добору. Таким чином, цифрова морфометрія стає базою для створення математично описаних ознак, придатних для автоматизованої оцінки селекційного матеріалу.



Комбінації схрещувань № 27

Комбінації схрещувань № 32

**Рис. 7. Приклади оцінки гібридів за параметрами колосів через площу, периметр, довжину, ширину, інтегральні ознаки гістограми в системі RGB**

Особливо цінним є те, що описані математичні операції – нормалізація, згортка, порогоування, обчислення контурів, ентропії та фрактальних параметрів – універсальні для будь-якої культури. Це означає, що одна й та сама схема перетворення фото у матриці може бути застосована як до зразків проса, так і до бобових чи коренеплідних культур, з адаптацією лише масштабу і параметрів порогів. Така універсальність створює основу для стандартизації цифрового фенотипування у межах міжвидових порівнянь.

Аналітично доведено, що матричне подання фото зразків дозволяє будувати системи багатовимірною аналізу, де кожна морфологічна ознака стає координатою у гіперпросторі фенотипів. У цьому просторі можна проводити кластеризацію, пошук відстаней подібності, побудову гіперплощин добору і прогнозування ознак у гібридних комбінаціях. Таким чином, селекційна оцінка переходить від якісної описовості до кількісного просторового аналізу, де кожен фенотип є точкою з координатами, отриманими безпосередньо зі зображення.

Результати цього підходу інтегруються у загальну парадигму смарт-селекції, що формується в останні роки. Фото, перетворене у матрицю, стає первинним блоком даних у нейронних мережах, які навчаються розпізнавати закономірності між морфологією і продуктивністю. Алгоритми глибокого навчання оперують не самими фото, а матрицями ознак, сформованими за описаними формулами, що значно підвищує точність класифікації. Для пшениці це вже дозволяє автоматично групувати генотипи за типом колосу і його параметрами.

Підсумовуючи, можна стверджувати, що перетворення фото у математичні матриці є не лише технічним процесом обробки даних, а новим концептуальним рівнем сприйняття фенотипу у селекції. У цьому підході візуальна форма набуває кількісної визначеності, що відкриває можливість для побудови єдиної цифрової морфометричної бази ознак, порівняння між поколіннями, середовищами та генотипами. Це підґрунтя для подальшого розвитку інтелектуальних систем добору, де рішення прийматимуться на основі об'єктивних математичних структур, а не лише дослідного спостереження.

Практичний етап переформатування фото у математичні матриці починається з отримання стандартизованого цифрового зображення зразка. У селекційній роботі бажано використовувати фото з однаковим масштабом, роздільною здатністю та освітленням. Для зернових культур доцільно фотографувати насіння на контрастному тлі з верхнього ракурсу. Усі зображення зберігаються у форматі PNG або TIFF, щоб уникнути спотворення кольору через стиснення.

Далі фото імпортується у програму обробки зображень, наприклад у Python середовище з бібліотеками Open CV та Num Py. Базовий код імпортування виглядає так:

```
import cv2
import numpy as np
img = cv2.imread(sample.png)
matrix = np.array(img)
```

У цей момент змінна `matrix` – це тривимірний масив розміром, де кожен елемент має значення від 0 до 255. Першим кроком є перетворення у відтінки сірого, оскільки це спрощує обчислення структурних параметрів:

```
gray = cv2.cvtColor(img, cv2.COLOR_BGR2GRAY)
```

Отримана матриця gray розміром містить лише один числовий канал яскравості. Для уникнення впливу різного освітлення застосовується нормалізація за формулою:

$$M' = \frac{M - \mu}{\sigma}$$

Наступним етапом є фільтрація шуму, який може виникнути при фотографуванні. Найчастіше застосовується Гаусове згладжування:

$$M_{f(x,y)} = \sum_{\{i=-k\}}^{\{k\} \sum_{j=-k}^{\{k\} M(x+i,y+j)}} \cdot G(i, j)$$

$$G(i, j) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{i^2+j^2}{2\sigma^2}}$$

Для виділення об'єкта (зерна або листка) із фону застосовується порогова обробка. Якщо інтенсивність порогу вище 1, тоді формуємо бінарну матрицю

$$B(x, y) = \begin{cases} 1, & \text{якщо } M'(x, y) > T \\ 0, & \text{інакше} \end{cases}$$

`binary = cv2.threshold(gray, 0, 255, cv2.THRESH_BINARY + cv2.THRESH_OTSU)`

Після цього зображення перетворюється на чіткий контур. Контури визначаються функцією:

`contours, = cv2.findContours(binary, cv2.RETR_EXTERNAL, cv2.CHAIN_APPROX_SIMPLE)`

Для кожного контуру обчислюють морфометричні показники: площу, периметр і коефіцієнт форми. Приклад обчислення:

$$\text{for c in contours:}$$

$$A = cv2.contourArea(c)$$

$$P = cv2.arcLength(c, True)$$

$$C = 4 * \text{np.pi} * A - (P ** 2)$$

У результаті кожен зразок отримує числове значення. Наприклад, для пшениці це дозволяє виділити типові морфотипи у межах популяції.

Фрактальний аналіз проводиться шляхом накладання сітки різного масштабу на контур і підрахунку кількості заповнених квадратів. Використовується формула

$$D = \frac{\log N(\epsilon_2) - \log N(\epsilon_1)}{\log \left( \frac{\epsilon_1}{\epsilon_2} \right)}$$

Далі всі отримані параметри об'єднуються у таблицю – матрицю ознак:

```

X =
    [ {bmatrix}
      C_1 & E_1 & D_1 & L_1 & W_1 \\
      C_2 & E_2 & D_2 & L_2 & W_2 \\
      : & : & : & : & \vdots
    ] {bmatrix}
x, y, w, h = cv2.boundingRect(c)
L = h
W = w

```

Кожен рядок цієї матриці відповідає одному фото.

Наступний крок – статистичний аналіз. Для виявлення груп за подібністю використовують кластеризацію методом k-середніх. Алгоритм шукає центри кластерів, мінімізуючи суму квадратів відстаней:

$$J = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^k \min ||x_i - \mu_j||^2$$

Додатково для зменшення кількості ознак без втрати інформації застосовується метод головних компонент (PCA). У Python це реалізується так:

```

from sklearn.decomposition import PCA
pca = PCA(n_components = 2)
reduced = pca.fit_transform(X)

```

У результаті кожен зразок описується двома головними компонентами, які зберігають основну частку варіації (зазвичай понад 85 %). Це дозволяє будувати двовимірні діаграми розсіювання, на яких візуально видно розділення ліній за морфологічними характеристиками.

Для виявлення спорідненості між зразками застосовується кореляційний аналіз. Коефіцієнт кореляції Пірсона для двох наборів параметрів і обчислюється як

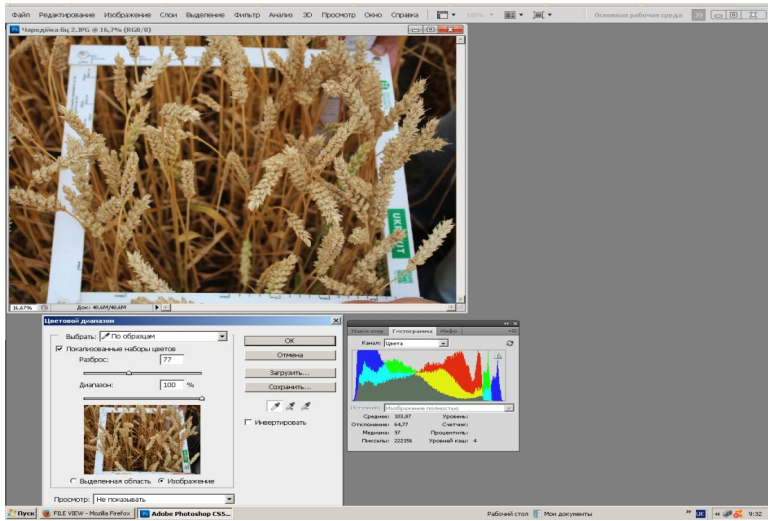
$$r = \frac{\sum(A_i - \bar{A})(B_i - \bar{B})}{\sqrt{\left\{ \sum(A_i - \bar{A})^2 \sum(B_i - \bar{B})^2 \right\}}}$$

Дані перетворених матриць ознак можуть бути експортовані у формат CSV або Excel для подальшої інтеграції в базу фенотипічних даних. Це забезпечує узгодженість між польовими і лабораторними результатами та дозволяє проводити статистичні узагальнення для великих вибірок.

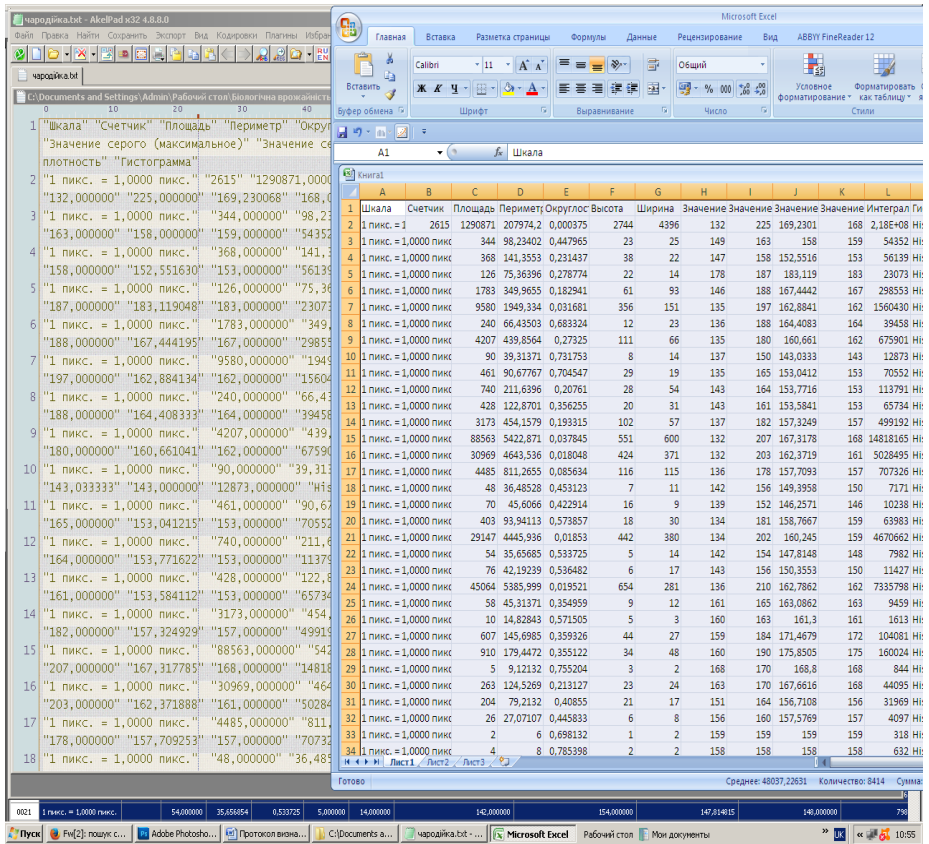
У прикладній селекційній роботі таке перетворення фото у математичну форму дає змогу об'єктивно описати кожен зразок без суб'єктивної оцінки дослідника. У подальшому ці дані використовують для побудови регресійних моделей успадкованості, аналізу G × E взаємодії, або тренування нейромережових моделей для автоматичного фенотипування.

Практична частина завершує цикл перетворення фото у числові структури. Отримані матриці можуть бути не лише базою для статистичного аналізу, а й формувати основу так званих смарт-алгоритмів селекційного добору, у яких комп'ютер сам визначає морфологічно оптимальні типи за заданими критеріями продуктивності, вирівняності та стабільності ознак.

### 3. Протокол визначення кількості колосів та їх параметрів на продуктивних стеблах у сорту Чародійка та математично-статистичне переформатування матриць



Шапка	Стежки	Площина	Периметр	Сферичність	Висота	Ширина	Значення серого (сигнальний)	Значення серого (сигнальний)	Значення серого (середнє)	Значення серого (середнє)	Математичний тип
0001	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	26,0	12004,4	0,40007	2748,00000	676,00000	122,00000	226,00000	185,20000	187,00000	2146,412
0002	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	344,00000	92,24819	0,49262	21,00000	25,00000	148,00000	182,00000	182,00000	182,00000	5,42
0003	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	368,00000	146,39239	0,21147	30,00000	22,00000	147,00000	189,00000	182,35198	182,00000	5,61
0004	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	326,00000	76,36781	0,22974	22,00000	14,00000	178,00000	181,00000	185,16168	188,00000	2,00
0005	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	1791,00000	149,86812	0,10248	41,00000	91,00000	148,00000	188,00000	187,44418	187,00000	2,885
0006	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	1893,00000	248,22262	0,20281	28,00000	61,00000	128,00000	182,00000	182,26128	182,00000	10,654
0007	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	248,00000	66,49262	0,69324	12,00000	13,00000	136,00000	186,00000	184,89332	184,00000	7,94
0008	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	4207,00000	428,66336	0,27258	111,00000	66,00000	158,00000	189,00000	186,44164	182,00000	67,90
0009	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	93,00000	29,21170	0,72171	6,00000	14,00000	137,00000	182,00000	186,20332	184,00000	1,287
0010	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	41,00000	9,51710	0,76262	2,00000	10,00000	175,00000	186,00000	185,24412	182,00000	7,65
0011	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	748,00000	214,57910	0,20761	20,00000	54,00000	146,00000	200,00000	185,72122	182,00000	11,79
0012	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	428,00000	122,87069	0,35265	20,00000	31,00000	141,00000	185,00000	185,16412	182,00000	6,73
0013	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	1172,00000	484,10700	0,19328	102,00000	57,00000	137,00000	188,00000	187,22422	187,00000	49,913
0014	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	1623,00000	242,29729	0,20742	92,00000	60,00000	122,00000	202,00000	187,19798	187,00000	140,818
0015	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	1924,00000	443,83261	0,10384	43,00000	27,00000	122,00000	201,00000	182,27168	182,00000	102,84
0016	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	4485,00000	911,20584	0,09524	116,00000	105,00000	136,00000	179,00000	187,19252	187,00000	707,2
0017	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	40,00000	26,46211	0,48121	7,00000	11,00000	158,00000	149,18812	189,00000	182,00000	7,17
0018	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	79,00000	47,60602	0,42914	6,00000	3,00000	179,00000	182,00000	146,21748	146,00000	102,7
0019	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	491,00000	29,34162	0,27262	30,00000	39,00000	124,00000	181,00000	182,24748	182,00000	62,8
0020	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	2149,00000	448,53484	0,10258	442,00000	303,00000	134,00000	202,00000	186,26818	186,00000	407,64
0021	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	54,00000	26,65684	0,31725	6,00000	14,00000	144,00000	147,41418	148,00000	148,00000	7,8
0022	1 гвієс. = 1,000 гвієс.	76,00000	42,19268	0,23462	6,00000	17,00000	141,00000	158,00000	183,25122	183,00000	114,2



**Рис. 8. Система переформатування матриці цифрової фотографії у математико-статистичні матриці. Етапи блокнот та таблиця Excel**

Отримано параметри ознак колосу (табл. 2).

*Таблиця 2*

**Статистичні характеристики параметрів колосу**

	Серед- не	Геомет- ричне середнє	Міні- мум	Макси- мум	Дисперсія	Станд. відхи- лення	Станд. похибка	Асимет- рія	Станд. похибка асим.
Площа	2829,1	17,559	1	1290871	2,41E+09	49137	1857,2	25,8595	0,09238
Периметр	434	21,491	4	207974	6,20E+09	7877	297,7	26,2445	0,09238
Округлость	0,6	0,478	0,0004	2	5,37E-02	0	0	-0,313	0,09238
Висота	26,4	5,173	1	2744	1,51E+04	123	4,6	16,5313	0,09238
Ширина	25,5	4,944	1	4396	3,03E+04	174	6,6	22,8884	0,09238

Матриця кореляцій сорту пшениці Чародійка

	Площа	Периметр	Округлість	Висота	Ширина	Інтегральна щільність
Площа	1	0,98	0,13	0,89	0,98	1
Периметр	0,98	1	0,12	0,87	0,97	1
Округлість	0,13	0,12	1	0,36	0,25	0,13
Висота	0,89	0,87	0,36	1	0,95	0,89
Ширина	0,98	0,97	0,25	0,95	1	0,98
Інтегральна щільність	1	1	0,13	0,89	0,98	1

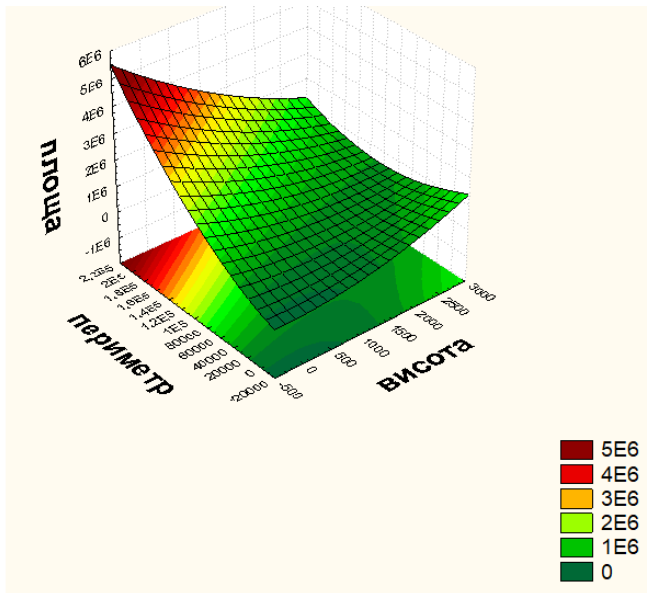


Рис. 9. 3d графік поверхні (вихідна матриця Чародійка.sta 10v\*700с)  
Площа = Слайд

Система взаємозв'язків параметрів компонентних ознак колосу лінійна. Чим більший вектор росту компонентів тим більший приріст комплексної ознаки

Генетичні алгоритми нейромережі Pythia – Neural Network аналізу формування фенотипу зразку показали оптимізовані LOS – траєкторії топологічних зв'язків компонентних ознак в системі онтогенезу.

Зокрема найбільш оптимізованим є поєднання компонентних ознак площа – периметр – висота ширина з рівнем фітнесу 100 % і оптимальною топологією.

**Python**

File Pattern View Edit Help

Pattern Set

#	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	O1	O1NET1	SD DV
114	0.000333	0.000427	0.409333	0.009114	0.005688	0.047619	0.235955	0.195553	0.751269	0.000291	--	--
115	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.073935	0.011236	0.013256	0.000000	0.000000	--	--
116	0.000311	0.000413	0.396969	0.009114	0.005006	0.073935	0.247191	0.203065	0.751269	0.000273	--	--
117	0.000127	0.000278	0.345474	0.006196	0.003413	0.142857	0.202247	0.210125	0.756345	0.000112	--	--
118	0.000028	0.00130	0.306439	0.001823	0.002048	0.111111	0.078652	0.079073	0.710660	0.000023	--	--
119	0.000297	0.000434	0.345788	0.009114	0.005233	0.126984	0.269663	0.262894	0.771574	0.000266	--	--
120	0.000190	0.000314	0.386806	0.007291	0.004036	0.142857	0.213483	0.234087	0.761421	0.000159	--	--
121	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.238959	0.123596	0.184404	0.000000	0.000000	--	--
122	0.000004	0.000048	0.244718	0.000000	0.001138	0.047619	0.011236	0.000000	0.690355	0.000003	--	--
123	0.005362	0.006020	0.034879	0.061976	0.033220	0.015873	0.707885	0.380994	0.796354	0.005035	--	--
124	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.333333	0.191011	0.283486	0.000000	0.000000	--	--
125	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.343206	0.202247	0.300000	0.000000	0.000000	--	--
126	0.000003	0.000025	0.480654	0.000729	0.000228	0.238959	0.213483	0.240650	0.746193	0.000003	--	--
127	0.000002	0.000026	0.360910	0.000385	0.000495	0.142857	0.157303	0.172018	0.736041	0.000002	--	--
128	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.238959	0.134831	0.152661	0.746193	0.000001	--	--
129	0.000146	0.000378	0.2231818	0.001130	0.002275	0.111111	0.314807	0.270118	0.776650	0.000131	--	--
130	0.000025	0.000101	0.419870	0.002552	0.001138	0.238959	0.258427	0.280484	0.776650	0.000022	--	--
131	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.253668	0.146867	0.209174	0.751269	0.000001	--	--
132	0.000003	0.000025	0.480654	0.000729	0.000228	0.126984	0.112260	0.195138	0.719736	0.000003	--	--
133	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.142857	0.056180	0.085321	0.000000	0.000000	--	--
134	0.000029	0.000129	0.431974	0.002187	0.002048	0.111111	0.224719	0.191951	0.751269	0.000024	--	--
135	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.126984	0.044944	0.068807	0.000000	0.000000	--	--
136	0.000002	0.000015	0.473138	0.000385	0.000228	0.301597	0.188539	0.250459	0.766497	0.000001	--	--
137	0.000002	0.000026	0.360910	0.000729	0.000228	0.222222	0.188539	0.213303	0.756345	0.000002	--	--
138	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.142857	0.056180	0.085321	0.719736	0.000001	--	--
139	0.000002	0.000019	0.374851	0.000729	0.000000	0.126984	0.078652	0.096330	0.710660	0.000003	--	--
140	0.000004	0.000026	0.547314	0.000729	0.000495	0.206349	0.168539	0.217431	0.756345	0.000001	--	--
141	0.000014	0.000063	0.519409	0.001458	0.000683	0.142857	0.191011	0.185273	0.741117	0.000012	--	--
142	0.000001	0.000010	0.444312	0.000000	0.000228	0.190478	0.101124	0.143119	0.730964	0.000001	--	--
143	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.222222	0.112360	0.167890	0.000000	0.000000	--	--
144	0.000000	0.000000	0.499891	0.000000	0.000000	0.222222	0.112360	0.167890	0.000000	0.000000	--	--
145	0.000050	0.000219	0.211124	0.004010	0.002730	0.015873	0.959506	0.381636	0.796354	0.000047	--	--
146	0.000147	0.000275	0.406977	0.005833	0.003413	0.015873	0.056180	0.062639	0.709508	0.000120	--	--
147	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.111111	0.056180	0.068807	0.705684	0.000001	--	--
148	0.000006	0.000056	0.291668	0.001458	0.000495	0.126984	0.056180	0.072477	0.710660	0.000005	--	--
149	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.158730	0.067416	0.101835	0.720812	0.000001	--	--
150	0.000005	0.000038	0.444312	0.000385	0.000683	0.396825	0.247191	0.355734	0.796354	0.000005	--	--
151	0.000083	0.000273	0.234488	0.005562	0.001593	0.111111	0.191011	0.195719	0.751269	0.000072	--	--
152	0.000698	0.000672	0.349343	0.018933	0.006143	0.015873	0.330709	0.312138	0.791878	0.000638	--	--
153	0.000001	0.000010	0.444312	0.000385	0.000000	0.238959	0.134831	0.152661	0.746193	0.000001	--	--
154	0.000001	0.000000	0.000000	0.000000	0.000385	0.000000	0.360910	0.235955	0.333028	0.788802	0.000001	--
155	0.000028	0.000104	0.449529	0.002552	0.001138	0.238959	0.191011	0.252244	0.766497	0.000025	--	--
156	0.000010	0.000063	0.246367	0.001823	0.000683	0.285714	0.213483	0.294686	0.776650	0.000009	--	--

Neural Network:

Net: NONAME.NN (9,3,1) 10 neurons, 2 levels, 9 inputs, 1 outputs

Transfer function: Ferm (Min=0.00, Max=1.00, Thld=0.50, Invc=1.00)

Learn rate: 0.500

**INPUTS LEVEL 1 LEVEL 2 OUTPUT**

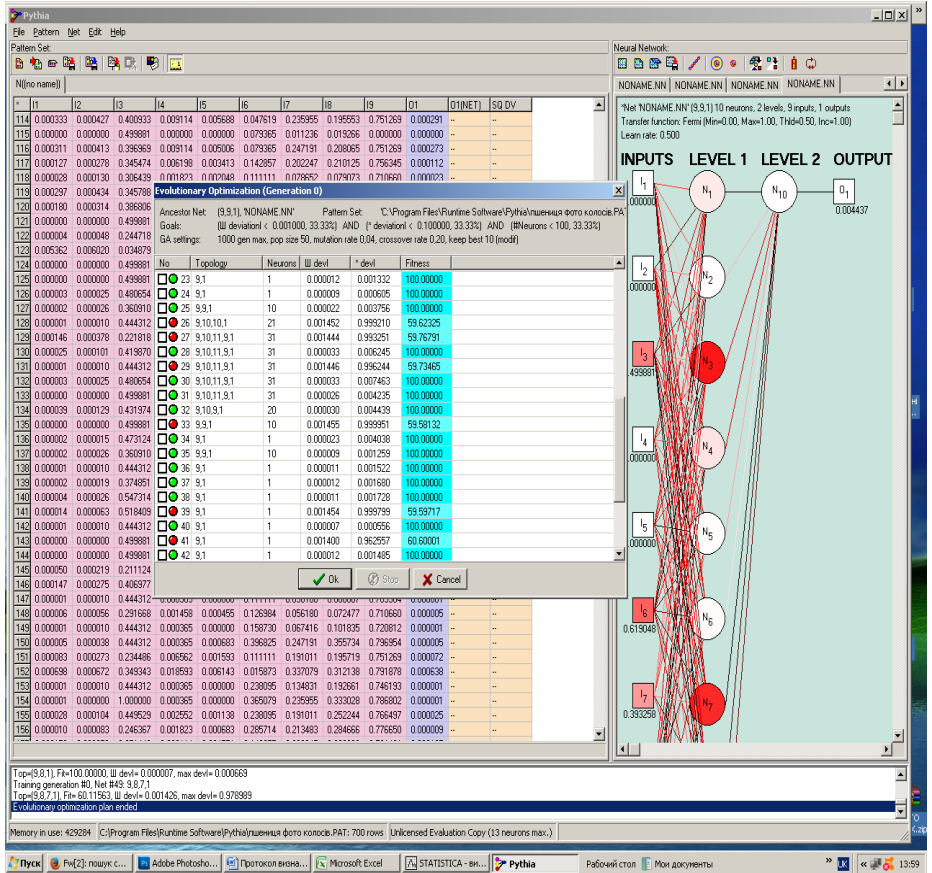
Created Net: NONAME.NN (9,3,1) 10 neurons, 2 levels, 9 inputs, 1 outputs

Net: NONAME.NN (9,3,1) 10 neurons, 2 levels, 9 inputs, 1 outputs

Set: 'no name' with 700 patterns of 10 tokens normalized

Could not save pattern set C:\Program Files\Runtime Software\Python\шница фото колоса.PAT

Memory in use: 352694 C:\Program Files\Runtime Software\Python\шница фото колоса.PAT: 700 rows [Unlicensed Evaluation Copy (13 neurons max.)]



**Рис. 10. Генетичні алгоритми неймережі Pythia – Neural Network аналізу формування фенотипу зразку показали оптимізовані LOS-траєкторії топологічних зв'язків компонентних ознак в системі онтогенезу**

## Висновки

Практичний вихід гетерозису у самозапильної культури пшениці озимої можливий.

Система взаємоз'язків параметрів компонентних ознак колосу лінійна. Чим більший вектор росту компонентів тим більший приріст комплексної ознаки.

Гексаллоїдна система генного контролю компонентних ознак формує гетерозисну систему продуктивності при високих рівнях СКЗ.

## Список літератури

1. Lachutta K., Jankowski K. J. The quality of winter wheat grain by different sowing strategies and nitrogen fertilizer rates: a case study in northeastern Poland. *Agriculture*. 2024. Vol. 14. Article 552. <https://doi.org/10.3390/agriculture14040552>
2. Adhikari A., Ibrahim A. M. H., Rudd J. et al. Estimation of heterosis and combining abilities of U.S. winter wheat germplasm for hybrid development in Texas. *Crop Science*. 2020. Vol. 60, No. 2. P. 1–12. <https://doi.org/10.1002/csc2.20020>
3. Van Rossum F., Le Pajolec S., Raspé O., Godé C. Assessing population genetic status for designing plant translocations. *Frontiers in Conservation Science*. 2022. Vol. 3. Article 829332. <https://doi.org/10.3389/fcsc.2022.829332>
4. Mette M. F., Gils M., Longin C. F. H., Reif J. C. Hybrid breeding in wheat. *Advances in Wheat Genetics: From Genome to Field* / ed. by Ogihara Y., Takumi S., Handa H. Tokyo: Springer, 2015. P. 225–233. [https://doi.org/10.1007/978-4-431-55675-6\\_24](https://doi.org/10.1007/978-4-431-55675-6_24)
5. Whitford R., Fleury D., Reif J. C. et al. Hybrid breeding in wheat: technologies to improve hybrid wheat seed production. *Journal of Experimental Botany*. 2013. Vol. 64, No. 18. P. 5411–5428. <https://doi.org/10.1093/jxb/ert333>
6. Wu X., Liu Y., Zhang Y., Gu R. Advances in research on the mechanism of heterosis in plants. *Frontiers in Plant Science*. 2021. Vol. 12. Article 745726. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.745726>
7. Revell I., Zhang P., Dong C. et al. Heterosis in wheat: mechanisms, benefits, and challenges in hybrid development. *Journal of Experimental Botany*. 2025. Vol. 77, Iss. 9. P. 2677–2685. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraf159>
8. Uddin M. N. Heterosis in F<sub>1</sub> hybrids derived from crosses of adapted Australian wheats. *Australian Journal of Agricultural Research*. 1992. Vol. 43, No. 5. P. 907–919. <https://doi.org/10.1071/AR9920907>
9. Kumar S., Sharma R. K., Singh J. et al. The outbreeding enhancement and correlation studies in F<sub>1</sub> hybrids of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Agricultural Sciences*. 2021. Vol. 12. P. 805–826. <https://doi.org/10.4236/as.2021.128052>
10. Lozinskyi M., Kolisnyk O., Ragulskyi O. et al. Manifestation of heterosis and degree of phenotypic dominance by the number of grains from the main ear in the hybridisation of different early-maturing varieties of soft winter wheat. *Science Horizons*. 2021. Vol. 24, No. 11. P. 28–37. [https://doi.org/10.48077/scihor.24\(11\).2021.28-37](https://doi.org/10.48077/scihor.24(11).2021.28-37)
11. Cox T. S., Murphy J. P. The effect of parental divergence on F<sub>2</sub> heterosis in winter wheat crosses. *Theoretical and Applied Genetics*. 1990. Vol. 79. P. 241–250. <https://doi.org/10.1007/BF00225958>
12. de Oliveira A. A., Resende M. F. R. Jr., Ferrão L. F. V. et al. Genomic prediction applied to multiple traits and environments in second season maize hybrids. *Heredity*. 2020. Vol. 125, Iss. 1–2. P. 60–72. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0321-0>

*Наукове видання*

**В. В. Чернуський, О. О. Дубова, В. М. Сінченко,  
М. В. Бузинний, А. М. Чайка, В. І. Гореленко**

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ  
СОРТІВ-СИНТЕТИКІВ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ  
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ  
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ  
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ  
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ  
ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ ПРОГРЕСИВНИХ  
ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ  $F_1$   
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ  
МЕТОДІВ ТОЧНОГО ФЕНОТИПУВАННЯ**

**Науково-методичні рекомендації**

Електронне видання

Погоджено до опублікування 07.11.2025.  
Формат: PDF. Гарнітура Cambria.

**Видавець**

Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН  
03110, м. Київ, вул. Клінічна, 25  
Тел.: (044) 275-50-00; e-mail: [sugarbeet@ukr.net](mailto:sugarbeet@ukr.net)  
<https://bio.gov.ua>

Свідоцтво суб'єкта видавничої справи  
ДК № 5713 від 19.10.2017





