

ріоду становив 25,3-29,7 діб, у пшениці – 39,7-45,0 діб.

Відповідно до різних темпів фенологічного розвитку змінювалися й календарні дати настання фази трубкування. В середньому, у фазу трубкування ранні посіви тритикале входили впродовж 24 квітня-14 травня, пізні – 26 квітня-21 травня. Фаза трубкування на посівах жита починалась 12 квітня-13 травня. Пшениця за датою настання фази трубкування займала проміжне положення між досліджуваними сортами тритикале.

На початкових етапах весняно-літньої вегетації найбільш інтенсивний розвиток був характерний для сорту 'АД 44', що дозволяє викорис-

товувати його в системі кормового конвеєра одразу після використання зеленої маси жита.

Залежно від строку сівби та сорту тривалість міжфазного періоду трубкування-колосіння на посівах тритикале становила 17,7-23,0 доби. Найкоротшим зазначений міжфазний період виявився у рослин пізніх строків сівби, що вказує на прискорений стадійний розвиток таких посівів. Відповідно, швидкі темпи фенологічних змін зумовлювали формування малопотужного травостою, а отже й недостатні прирости вегетативної маси.

Таким чином, різні за віком посіви відрізняються за темпами фенологічного розвитку впродовж весняно-літньої вегетації.

UDC 633.1.527.1

Макаова В., PhD student

Tyschenko V., Sc. D. in Agriculture, Professor in Agriculture, Head of the Breeding, Seed Growing and Genetics Department
Poltava State Agrarian University

E-mail: bohdana.makaova@pdaa.edu.ua

DIVERSITY ANALYSIS OF THE WINTER WHEAT COLLECTION IN FOREST-STEPPE OF UKRAINE

One of the current problems of modern breeding is the expansion of genetic diversity of wheat by genes of resistance to biotic and abiotic stress factors, yield potential and grain quality. The basis of modern adaptive plant breeding is the extensive use of global genetic resources and their systematization based on the creation of genetic collections with identified agronomic and adaptive traits. According to the EURISCO Catalog, the world's genetic banks contain 110,809 accessions of the genus *Triticum aestivum* and 199,204 accessions of the genus *Triticum*.

Modern breeding programs have significantly the narrow genetic diversity of wheat, thereby increasing the vulnerability of plants to abiotic and biotic factors. Searching and creation of new source material using ecologically and geographically distant samples only in scientific institutions are being investigated.

The use of collection samples of different ecological and geographical origins as crossing parental forms with different genetic control makes it possible to observe the maximum yield of new valuable recombination and transgressions.

In order to study the diversity, the traits manifestation in the Left Bank Forest-Steppe conditions and the search for new varieties as a source material for breeding program we formed collection from 328 samples from 26 countries (Ukraine, Austria, Azerbaijan, Bulgaria, Belarus, Canada, Czech Republic, Germany, Estonia, France, Great

Britain, Croatia, Hungary, Iran, Kazakhstan, Latvia, Mexico, Netherlands, Poland, Romania, Russia, Saudi Arabia, Serbia, Sweden, Tajikistan, Turkey and United State of America). In 2020-2021 vegetation year was investigated 180 samples from 20 countries. Collection was evaluated from next trait: field winter resistance, plant height, resistance to *Septoria*, waxiness of flag leaf, flag leaf width, stem diameter, head length, spikelet number, grains number, grain weight from head and thousand grain weight.

The significant variance and geographical affiliation were found from next traits: winter resistance ability, heading date, field resistance to *Septoria*. Head productivity (grain number and grain weight), plant height and other morphological traits more difficult to differentiate from geographical origin.

For diversity analysis we have used PCA-methods (principal component analysis). Principal component analysis has been gaining popularity as a tool to bring out strong patterns from complex datasets. Together, PC1 and PC2 have been describe 46.73% of the total variation in the experiment. PCA diagrams helps to determine the place of winter wheat sample on biplot diagram and to analyze their place under complex of traits (vectors on the diagram). The analysis of PCA biplot diagram to allow confirm the significant difference between German gene pool and Ukrainian gene pool from the set of traits.