

ОЦІНКА ГЕНОТИПІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ЗА ДАНИМИ ДИСТАНЦІЙНОГО ЗОНДУВАННЯ ТА АГРОНОМІЧНИМИ ОЗНАКАМИ, ПОВ'ЯЗАНИМИ З УРОЖАЙНІСТЮ

Р. І. ТОПКО, аспірант, <https://orcid.org/0000-0002-5918-2131>

E-mail: R.topko@gmail.com

С. І. ВОЛОЩУК, кандидат сільськогосподарських наук,

<https://orcid.org/0000-0002-9447-7525>

Миронівський інститут пшениці імені В. М. Ремесла НААН України

E-mail: volsi@ukr.net

Г. М. КОВАЛИШИНА, доктор сільськогосподарських наук, професор,

<https://orcid.org/0000-0002-2715-7679>

Національний університет біоресурсів і природокористування України

E-mail: hkovalyshyna@gmail.com

[https://doi.org/10.31548/dopovidi5\(105\).2023.012](https://doi.org/10.31548/dopovidi5(105).2023.012)

Анотація. Генетичне поліпшення пшениці потребує вдосконалення та застосування більш ефективних методів фенотипування та оцінки генетичної переваги селекційних ліній. Мета. Оцінити можливість використання спектральних вегетаційних індексів з включенням визначених генотипових цінностей, порівняти генетичний приріст урожайності зерна та інших ознак, відібрати кращі генотипи пшениці з використанням багатоознакового індексу та багатовимірних статистичних методів. Методи: польовий, визначення вегетаційних індексів за допомогою БПЛА, методи множинної регресії, АММІ, GGE-білот та REML/BLUP. Селекційні індекси розраховували за сукупністю ознак. Результати. 12 сортів і ліній пшениці м'якої озимої оцінено за врожайністю зерна, індексом NDVI та іншими ознаками. З використанням GGE-білоту та АММІ аналізу проведено комплексну оцінку генотипів за продуктивністю та стабільністю. За допомогою REML/BLUP-аналізу визначено генетичні параметри та генотипові значення для ряду досліджених ознак. На основі отриманих даних розраховано селекційні індекси за сукупністю ознак. Встановлено можливість використання спектральних вегетаційних індексів, отриманих з БПЛА, у селекційному процесі. Більш точна ідентифікація генотипів за комплексом ознак забезпечується поєднанням застосуванням багатовимірних статистичних методів, селекційних індексів і показників NDVI. Метод REML/BLUP у поєднанні з багатовимірними методами АММІ та GGE-білот з графічним виділенням генотипів за індексом Z дозволяє визначити перспективні за комплексом ознак. Виділено лінії ЛЮТ 55198, ЛЮТ 37519, ЛЮТ 60049, ЛЮТ 6010 і сорти МІП Лада, МІП Дніпрянка для подальшого використання в програмах селекції. Перспективою подальших досліджень є підвищення точності оцінки і добору потенційно високоврожайних і стабільних ліній пшениці за допомогою дистанційного зондування.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., генотип, індекс NDVI, GGE-біплот, аналіз REML/BLUP, генетичний приріст, селекційний індекс

Актуальність. Для задоволення прогнозованого попиту на такі основні культури, як пшениця, необхідне постійне її генетичне удосконалення, швидкість якого нижча від необхідної (Ray et al., 2013). Останнім часом, селекція рослин як і традиційне рослинництво зазнало неабияких змін, особливо у цифровізації процесів. Нові досягнення у точному землеробстві, особливо ті, що пов'язані із використанням супутникових спектральних знімків дають нам можливість виявляти недоліки у живленні, захисті рослин, ґрунтову неоднорідність, прогнозувати врожайність. Впровадження цифрових методів польової діагностики в селекційний процес відкриває багато нових можливостей. Розробка та впровадження останніх дозволяє нівелювати суб'єктивну оцінку селекціонера під час польових окомірних обліків а також збільшити обсяг досліджуваного селекційного матеріалу.

Аналіз останніх досліджень та публікацій. Фенотипування рослин є важливим етапом в ідентифікації батьківських форм для використання в селекційних програмах створення покращених сортів (Chawade et al., 2019). У цьому контексті для використання у селекційних

програмах фенотипування викликає інтерес безпілотний літальний апарат (БПЛА) як недорогий, швидкий, доступний та ефективний польовий інструмент для збору даних щодо ряду особливостей сільськогосподарських культур (Bendig et al., 2015). Є переваги використання БПЛА для отримання даних з високою просторовою та часовою роздільною здатністю (Chapman et al., 2014), зокрема з невеликих ділянок (Haghighattalab et al., 2016, Zhang et al., 2019) навіть окремих рослин (Lee et al., 2023).

Оснащені відповідними датчиками, БПЛА можуть зібрати масив даних про відбивну здатність в електромагнітному спектрі для отримання важливої інформації та оцінки агрономічних та фізіологічних ознак рослин, яка базується на спектральних індексах рослинності. Такі вимірювання використовували як непрямий підхід для оцінки ряду параметрів, таких як індекс площі листя (LAI) (Potgieter et al., 2017), частка перехопленого фотосинтетично активного випромінювання (Guillen-Climent et al., 2012), біомаса (Bendig et al., 2015, Cabrera-Bosquet et al., 2011, Acorsi et al., 2019), висота рослин (Bendig et al., 2015, Hassan et al., 2019), оцінка хвороб (Su et al., 2018), температура стеблостою (Rutkoski et al., 2016), дефіцит води (Hoffmeister et

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

al., 2016), покриття посіву (Bendig et al., 2015), статус росту і розвитку (Du & Noguchi, 2017, Olanrewaju et al., 2019), урожайність (Yang & Everitt, 2002, Duan et al., 2019, Wang et al., 2019). БПЛА можна використати для високопродуктивних вимірювань при вивченні окремих агрономічних і фізіологічних ознак рослин для оцінки генотипів, вибору батьківських форм і оцінки потомств у великому масштабі у програмах селекції пшениці (Sun et al., 2019).

Проте практично відсутня інформація про можливість використання спектральних вегетаційних індексів для оцінки генетичного потенціалу та цінності матеріалу пшениці за інтегральними ознаками. Фенотипові значення, які зазвичай використовуються при одночасному відборі, не завжди відповідають генетичній перевазі.

Мета досліджень – оцінити можливість використання спектральних вегетаційних індексів із включенням компонента взаємодії генотипу з середовищем для визначення генотипових цінностей сортів і ліній пшениці м'якої озимої, порівняти генетичний приріст урожайності зерна та інших ознак, відібрати кращі генотипи пшениці за поєднанням багатоознакового індексу з показниками, отриманими багатовимірними статистичними методами, для подальшого використання в селекційній практиці при створенні сортів.

Матеріали та методика досліджень. Дослідження виконано упродовж 2018/19–2020/21 вегетаційних років у селекційній сівозміні лабораторії селекції озимої пшениці Миронівського інституту пшениці імені В. М. Ремесла НААН України (МІП). Сівбу проводили у два строки: 2018 р. – 25 вересня і 5 жовтня; 2019 і 2020 р. – 5 і 15 жовтня, попередник – соя. Розміщення ділянок систематичне, повторність чотириразова, облікова площа – 10 м². Норма висіву – 5 млн схожих насінин на 1 га. Стандартом слугував сорт Подолянка. Дослідження проводили відповідно до «Методики польового досліду» (Доспехов, 1985), фенологічні спостереження та обліки – відповідно до «Методики Державного сорто випробування» (Волкодав 2003). У дослідах використовували шість нових сортів: 'МІП Ассоль', 'Балада миронівська', 'Грація миронівська', 'МІП Ювілейна', 'МІП Лада', 'МІП Дніпрянка' та сорт-стандарт 'Подолянка' і п'ять селекційних ліній: 'Еритроспермум 55023', 'Лютесценс 55198', 'Лютесценс 37519', 'Лютесценс 60049', 'Лютесценс 60107'.

Спектральну оцінку сортів і селекційних ліній пшениці озимої проводили за допомогою БПЛА Mavic zoom 2 з використанням мультиспектральної камери Parrot Sequoia, що має можливість фіксувати зображення у діапазоні 550–810 нм.

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

Для формування ортофотоплану використовували програмне забезпечення Pix4Dcapture та Pix4Dmapper. Фотофіксацію проводили мультиспектральною камерою на висоті 30 м над рівнем досліджуваного об'єкту з метою підвищення якості ортофотоплану, з перекриттям знімків 80% і з проміжком часу в дві секунди. NDVI індекс (нормалізований відносний вегетаційний індекс) розраховували за формулою (Rouse et al., 1973):

$$\text{NDVI} = (\text{NIR} - \text{RED}) / (\text{NIR} + \text{RED})$$

де: NIR – відображення в ближній інфрачервоній зоні спектра; RED – відображення в червоній області спектра.

Метеорологічні умови аналізували за даними приватної стаціонарної метеостанції, підключеної до глобальної системи Meteoblue (Базель, Швейцарія), що знаходиться в радіусі 6 км від полів, на яких проводили дослідження. Роки дослідження були контрастними за гідротермічним режимом із нерівномірним розподілом опадів за місяцями, що дозволило одержати об'єктивні дані. Варіювання кількості опадів і температур у кінцевому підсумку вплинуло на врожайність зерна досліджуваних генотипів та на інші ознаки.

Дисперсійний, кореляційний аналіз та аналіз головних компонентів (PC) агрономічних ознак генотипів пшениці проводили за допомогою

пакетів Statistica 10.0 та IBM SPSS Statistics 27.

Аналіз AMMI (Zobel, Wright & Gauch, 1988, Gauch, 2013) проводили відповідно до моделі $Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + r_{ij} + \epsilon_{ij}$, де: Y_{ij} – урожайність зерна генотипу i в середовищі j ; μ – загальне середнє; g_i – фіксований ефект i -го генотипу; e_j – фіксований вплив середовища j ; λ_k – k -е сингулярне значення матриці взаємодії; γ_{ik} – k -й сингулярний вектор i -го генотипу; α_{jk} – k -й сингулярний вектор j -го середовища; r_{ij} – нев'язка моделі; ϵ_{ij} – залишкова випадкова похибка.

Аналіз GGE-biplot дозволяє графічно візуалізувати матрицю даних. Він розглядає основний ефект генотипу разом із взаємодією генотип–середовище.

Така методологія описується моделлю (Yan, Hunt & Sheng, 2000): $Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{1i} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{2i} \eta_{2j} + \epsilon_{ij}$, де: Y_{ij} – урожайність зерна i -го генотипу в середовищі j ; μ – загальне середнє; β_j – вплив середовища j ; λ_1 і λ_2 – власні значення, пов'язані з PC1 і PC2 відповідно; ξ_{1i} і ξ_{2i} – бали за осями PC1 та PC2 відповідно для i -го генотипу; η_{1j} і η_{2j} – оцінки для осей PC1 і PC2 відповідно, для середовища j та ϵ_{ij} – залишкова випадкова помилка. Ці аналізи було виконано за допомогою програмного забезпечення GEA-R версії 4.1 (Pacheco et al., 2016).

Генотипові значення були передбачені за методологією

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

REML/BLUP у програмному забезпеченні Meta-R версія 6.0 (Alvarado et al., 2016): $y = Xr + Zg + Wi + e$, де y – вектор даних; r – вектор ефектів реплікації (фіксований ефект); g – вектор генотипових ефектів (випадковий ефект) ($g \sim N(0, \sigma^2g)$), де σ^2g – матриця генотипових дисперсій; i – вектор GEI (випадковий ефект); e – вектор (випадкових) помилок ($e \sim N(0, \sigma^2g)$), де σ^2g – матриця залишкової дисперсії. X , Z та W відповідає матрицям інцидентності для r , g та i відповідно.

Оцінено селекційний приріст (selection gain – SG) за дослідженими показниками за виразом: $SG = SD * h^2$, де SD – диференціал відбору, визначений різницею між середнім вибраних генотипів (X_s) і загальним спостережуваним середнім (X_o), а h^2 – спадковість. Відносний селекційний приріст (SG%) визначається як $SG\% = (SG / X_o) * 100$.

Щоб отримати оцінку генетичних переваг для кожної ознаки з метою вибору кращих генотипів, було використано три різні індекси: індекс підсумовування рангів I_j (Mulamba & Mock, 1978), індекс дистанції між генотипом та ідеотипом D_{ii}'' (Wricke & Weber, 1986), індекс Z (Mendes, Ramalho & Abreu, 2009).

Для визначення індексу підсумовування рангів I_j генотипи класифікували за ознаками, завжди приймаючи критерій класифікації найкращого генотипу зі значенням 1 і

так далі для кожної ознаки, причому, залежно від характеру цих ознак, як 1 класифікують генотипи, які мали найвищі або ж найнижчі середні значення. Після отримання класифікаційних значень для кожного генотипу, його індекси розраховували наступним чином: $I_j = \sum n_{ij}$, де I_j є індексом для генотипу j , а n_{ij} – класифікаційним рангом ознаки i для генотипу j . Генотип з найнижчим I_j вважався кращим.

У якості критерію індексу дистанції генотип–ідеотип використано евклідову відстань між і генотипом та i' ідеотипом: $D_{ii}'' = \sqrt{\sum d_{ij}^2}$, де D_{ii}'' є евклідовою відстанню між i генотипом та i' ідеотипом, а d_{ij} є стандартним відхиленням між середнім значенням ознаки j , виміряним у i генотипі (x_{ij}), та значенням, присвоєним ідеотипу в цій ознаці.

Індекс Z було визначено за рівнянням $Z_{ij} = (y_{ij} - \bar{y}_j) / \sigma_j$, де y_{ij} — ознака j , що спостерігається для генотипу i , $\bar{y}_j$ — загальне середнє значення ознаки j , а σ_j — стандартне відхилення ознаки j . Оскільки Z_{ij} може приймати як позитивні, так і негативні значення, щоб уникнути негативних значень, до нього було додано число три. У всіх трьох індексах був прийнятий тиск відбору 25 %.

Результати досліджень та їх обговорення. Дисперсійний аналіз засвідчує про суттєвий вплив усіх факторів експерименту (рік

досліджень, строк посіву, генотип) та за факторами досліду наведено в їх взаємодій). Середні значення ознак таблиці 1.

1. Середні значення ознак за факторами досліду, МП, 2018-2021 рр.

Сорт, лінія	Код*	Ознаки**								
		Yield	NDVI _{sv}	NDVI _{rv}	NDVI _{an}	PH	GpE	WKE	MoK	DVP
МП Ассоль	A	5,96	0.390	0.482	0.668	101,59	44,03	1,90	42,63	214,5
Балада МИР	B	5,46	0.390	0.500	0.670	103,03	43,47	1,99	45,25	212,3
Грація МИР	G	5,25	0.383	0.482	0.602	98,69	42,14	1,89	44,98	213,7
ЕР 55023	E	4,02	0.398	0.483	0.618	87,28	44,03	1,89	42,61	205,2
МП Ювілейна	U	5,41	0.383	0.487	0.605	98,52	41,34	1,62	39,29	212,5
МП Лада	L	5,66	0.397	0.492	0.663	95,81	43,76	1,94	44,57	214,7
МП Дніпрянка	D	6,02	0.383	0.498	0.583	102,84	41,75	1,81	42,94	212,8
Подольська St	P	5,39	0.383	0.475	0.645	102,53	40,19	1,72	43,01	213,3
ЛЮТ 55198	L98	5,83	0.377	0.488	0.737	102,43	45,73	2,11	46,34	211,2
ЛЮТ 37519	L19	5,27	0.402	0.503	0.770	89,91	43,86	1,79	40,22	211,3
ЛЮТ 60049	L49	5,67	0.370	0.480	0.672	94,04	41,87	1,80	42,96	211,3
ЛЮТ 60107	L107	5,82	0.387	0.457	0.630	102,32	41,47	1,84	44,32	212,2
Середні значення за факторами										
Рік	2019	7.70	0.340	0.641	0.685	99,5	45,5	2,16	46,8	216,1
	2020	2.29	0.235	0.240	0.518	87,8	49,5	1,34	38,2	198,3
	2021	6.53	0.586	0.576	0.763	108,4	33,0	2,06	40,1	222,5
Строк посіву	1	5.57	0.458	0.539	0.693	101,1	42,6	1,87	42,4	217,6
	2	5.45	0.316	0.432	0.618	95,8	42,9	0,00	41,1	206,9

* – код генотипу та ознак введені через несприйняття програмним забезпеченням кирилических символів; МИР – миронівська, ЕР – Еритроспермум і ЛЮТ – Лютесценс. ** – Yield – урожай (т/га), NDVI_{sv} – індекс NDVI на час припинення вегетації (безрозмірна величина), NDVI_{rv} – індекс NDVI на час відновлення вегетації, NDVI_{an} – індекс NDVI на час цвітіння, PH – висота рослин (см), GpE – кількість зерен у колосі (шт.), WKE – маса зерна з колоса (г), MoK – середня маса зернівки (мг) або TgW – маса 1000 зерен (г), DVP – тривалість періоду сходи–колосіння (діб).

Регресійна залежність між показниками вегетаційних індексів та врожайністю зерна пшениці дозволяє передбачити останню. У нашому дослідженні сила кореляцій між БПЛА-NDVI та врожайністю була порівняна з тією, про яку повідомляли інші автори. (Hassan M.A. et al., 2019) дійшли висновку, що мультиспектральний датчик, встановлений на БПЛА, є надійною платформою для вимірювання NDVI для прогнозування біомаси пшениці та врожайності.

Прості лінійні регресії та прості множинні регресії не забезпечували прийнятної точності передбачення. Включення до моделі множинної регресії всіх досліджуваних 288 кейсів (12 сортів*2 строки посіву* 3 роки досліджень* 4 повторення) та 42 параметрів (морфобіологічні параметри, параметри структури урожаю, інтегральні параметри погоди і навколишнього середовища) дало можливість підвищити точність прогнозу. Покрокова множинна регресія забезпечила точність у 20 %

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

похибки. При цьому слід зазначити, що прості моделі стосуються тільки досліджуваного набору даних. Коефіцієнти детермінації регресій між передбаченими і спостережуваними значеннями (R^2) і

похибки – середня абсолютна похибка (MAE), середня квадратична помилка (MSE), середня абсолютна відсоткова помилка (MAPE), яка власне визначає точність – наведені в таблиці 2.

2. Коефіцієнти детермінації регресійних моделей передбачення врожайності зерна за вегетаційними індексами при припиненні вегетації (NDVIsv), відновленні вегетації (NDVIrv), цвітінні (NDVIan) та іншими показниками

Регресії	Фактори впливу (предиктори моделі)*	R^2	MAE	RMSE	MAPE
Прості лінійні регресії	NDVIrv	0,38	1,93	0,91	39,20
	NDVIan	0,64	1,24	0,83	32,20
Множинні лінійні регресії	NDVIrv+NDVIan	0,69	1,23	0,81	28,20
	NDVIsv+NDVIrv+NDVIan	0,78	1,14	0,80	25,20
Множинна покрокова	PtC, AMS, NDVIan, NDVIsv, NDVIrv, DVP, SDI, PH, GDD, MoK, GpE, SPP, WKE	0,80	0,75	0,73	20,20
Множинна хребтова з навчанням	NDVIsv, NDVIrv, NDVIan, SPP, DVP, MoK, GpE	0,84	0,64	0,66	12,17
Багатошаровий перцептон	NDVIsv, NDVIrv, NDVIan, NDVIsu, MoK, PH, DVP, SPP, GDD	0,98	0,23	0,19	6,68
Регресія випадкових лісів	NDVIrv, NDVIan, NDVIsu, MoK, PH, SpL, DVP, SPP, GDD	0,95	0,38	0,25	10,66
Регресія опорних векторів	NDVIsv, NDVIrv, NDVIan, SPP, DVP, MoK, GpE, GDD	0,96	0,36	0,23	9,45

* наведені суттєві предиктори, позначення відповідають табл. 1.

Проте, на нашу думку, точності передбачення (>20 % похибки навіть для множинної покрокової регресії) очевидно недостатньо для надійного добору більш продуктивних генотипів серед групи дуже близьких за параметрами генотипів у кінцевих ланках селекційного процесу, а на початкових – може призвести до втрати цінних генотипів. Значно підвищити точність прогнозу може використання алгоритмів глибинного навчання (Le Cun, Bengio & Hinton,

2015). Ці методи можна використовувати для підбору моделі регресії, коли в даних є мультиколінеарність (значна скорельованість параметрів), і після навчання і виключення несуттєвих у моделі залишилися лише суттєві предиктори (прогнозні змінні), у тому числі пов'язані з умовами середовища (сума опадів, сума ефективних температур та тривалість вегетаційного періоду).

Ми використали хребтову множинну регресію, регресію випадкових лісів (random forest), регресію опорних векторів та багатошаровий перцептон (послідовна штучна нейронна мережа, яка складається з одного вхідного рівня, одного прихованого шару та одного вихідного рівня). Методи регуляризації і оцінки важливості параметрів дають можливість виключати несуттєві предиктори з моделі. Різні моделі включали, окрім індексу NDVI виміряного в різні періоди, різні набори предикторів, окрім зазначених у таблиці 1, сюди було включено суму ефективних температур від сходів до цвітіння – GDD, суму опадів – SPP, довжину колоса – SpL, індекс щільності колоса – SDI (кількість колосків на одиницю довжини колоса). Цільовою функцією є урожай (Yield). Такі моделі складніші для розуміння та інтерпретації, вони є нелінійними, проте перевагою моделей з навчанням є теоретична можливість використовувати їх для оцінювання нових наборів даних. Такі підходи останнім часом знаходять все ширше застосування. Отримані моделі не обов'язково є найкращими, проте вони вказують на тісний зв'язок між урожайністю і спектральними характеристиками посіву, які імовірно можна використати в селекційних програмах для добору кращих генотипів.

Враховуючи це, важливо дослідити можливість одночасного генетичного поліпшення озимої пшениці за урожайністю, показником NDVIap (який відображає цілий набір біофізичних та фізіологічних показників, зокрема, це індекс листової поверхні, частка фізіологічно активної перехопленої радіації, загальна біомаса, ефективність засвоєння і накопичення азоту тощо) і агрономічно важливими ознаками, такими як кількість зерен у колосі, маса зернівки (маса 1000 зерен) і, принаймні, без збільшення висоти рослин і тривалості вегетаційного періоду. При доборі за фонову ознакою, у якості якої в даному контексті можуть виступати вегетаційні індекси, важливо, щоб генетично обумовлена варіація такої ознаки була більшою від генетичної варіації цільової ознаки, якою є врожайність зерна, і мати високу успадкованість.

Аналіз АММІ дозволяє ідентифікувати високопродуктивні лінії, адаптовані до конкретних середовищ. У подальшому аналізі вплив року, строку посіву і їх взаємодія об'єднали у фактор середовища (E), вплив взаємодії генотипу і факторів середовища об'єднали у фактор GEI (Genotype Environment Interaction) і виокремлювали фактор генотипу (G). Дані про врожайність зерна 12 досліджуваних генотипів протягом трьох послідовних років при двох

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

строках посіву (шість тестових середовищ) були оброблені з використанням комбінованого аналізу ANOVA та АММІ після підтвердження однорідності дисперсій. Середні квадрати комбінованого дисперсійного аналізу вказують на те, що середовища (об'єднано роки і строки посіву), генотипи і взаємодії (GEI) показали значні варіації на 0,1 % рівні ($p < 0.001$) за врожайністю зерна та іншими ознаками (табл. 3).

Генотипи внесли значну частку загальної варіації (8,6-21,6 %), тоді як навколишнє середовище та GEI

внесли відповідно 8,6-21,6 і 1,42-32,4 %, . Крім того, проведений аналіз засвідчує, що GEI значною мірою пояснюється першими чотирма РС. Серед них PC1 (перший головний компонент) вніс 36,4-75,5 % у загальний GEI, а відповідно другий, третій і четвертий – менше. Вибір найкращих ліній повинен здійснюватися на основі оцінок продуктивності, а також широкої адаптивності (Gauch, 2013). Стабільні генотипи забезпечують стабільну врожайність без особливих коливань щороку.

3. Аналіз адитивних основних ефектів і мультиплікативної взаємодії (АММІ) врожайності зерна та інших ознак 12 генотипів пшениці озимої в шести тестових середовищах протягом вегетаційних сезонів 2018–2021 рр., % від загального варіювання

Джерело варіювання	Урожай, Yield	NDVI _{rv}	NDVI _{lan}	Висота рослин PH	Маса зернівки МоК	Кількість зерен в колосі GrE
Середовище E	44,76	67,14	47,42	60,19	83,03	79,22
Генотип G	17,13	13,47	21,58	19,73	8,56	12,75
GEI	32,41	17,18	29,47	18,16	1,42	5,59
PC1*	36,89	75,54	56,80	54,70	46,18	51,80
PC2	33,55	13,11	31,02	23,29	39,81	25,34
PC3	13,45	5,89	5,74	15,07	7,12	13,38
PC4	9,77	4,45	5,24	4,17	6,38	6,98
PC5	6,34	1,01	1,20	2,77	0,51	2,49
PC6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Залишок R	5,70	2,20	1,53	1,91	7,00	2,44

* головний компонент (PC)

Водночас загальновідомо, що селекціонери віддають перевагу сорту з найвищою врожайністю і середньою стабільністю, а не високостабільному генотипу з урожайністю вище чи на рівні середньої. Тому вибір генотипу

просто на основі середньої врожайності зерна під час оціночних випробувань може ввести в оману щодо вибору генотипу, який може не зберігатися протягом тривалого часу через його низьку стабільність.

Аналіз головних компонентів (РСА) багатовимірною аналізу дозволяє легше зрозуміти ефекти та зв'язки між різними ознаками і з'ясовує генотипові відмінності між набором заданих ознак. Головні компоненти є ортогональними, тобто кореляція між ними дорівнює нулю. Кут між векторами ознак показує кореляцію між ними – чим гостріший кут, тим сильніша позитивна кореляція, і чим такий кут більший, тим слабша кореляція. Кут 90° відповідає нульовій кореляції, кути більші 90° (до 180°) відповідають негативним (від'ємним) кореляціям. Перші два головні компоненти (PC) пояснюють 57,4 % загальної варіації. PC1 пояснює 44,5 % загальної дисперсії, а PC2 пояснює 18,3 % загальної дисперсії (рис. 1). Фенологічні ознаки SPP і DVP продемонстрували сильну позитивну кореляцію, за якою йшла їх слабша позитивна кореляція з PH. Сильно скорельованими виявились урожай і NDVI_{trv} та NDVI_{ap}, тоді як NDVI_{sv} мав слабшу кореляцію з урожаєм

зерна. GrE продемонструвала негативну кореляцію з більшістю ознак. Слабшу кореляцію спостерігали між TgW та іншими ознаками. Це вказує на принципову можливість добору за NDVI на збільшення продуктивності. Аналіз основних компонентів засвідчує відсутність чіткої структури серед досліджуваних кейсів і це було очікувано, оскільки популяція була з одного розсадника. Проте певна стратифікація все ж спостерігалась, що, як і результати ANOVA (див. табл. 3) свідчить про значну взаємодію генотипу і середовища ($G \times E$). Така взаємодія значно ускладнює процес селекції, особливо за ознаками, які мають складну полігенну структуру, і вимагає проведення багатосередовищних випробувань для достовірної оцінки перспективних генотипів, при цьому ідентифікація високоурожайних і стабільних генотипів дуже важлива для селекціонера, щоб сорт могли довше використовувати у виробничих умовах.

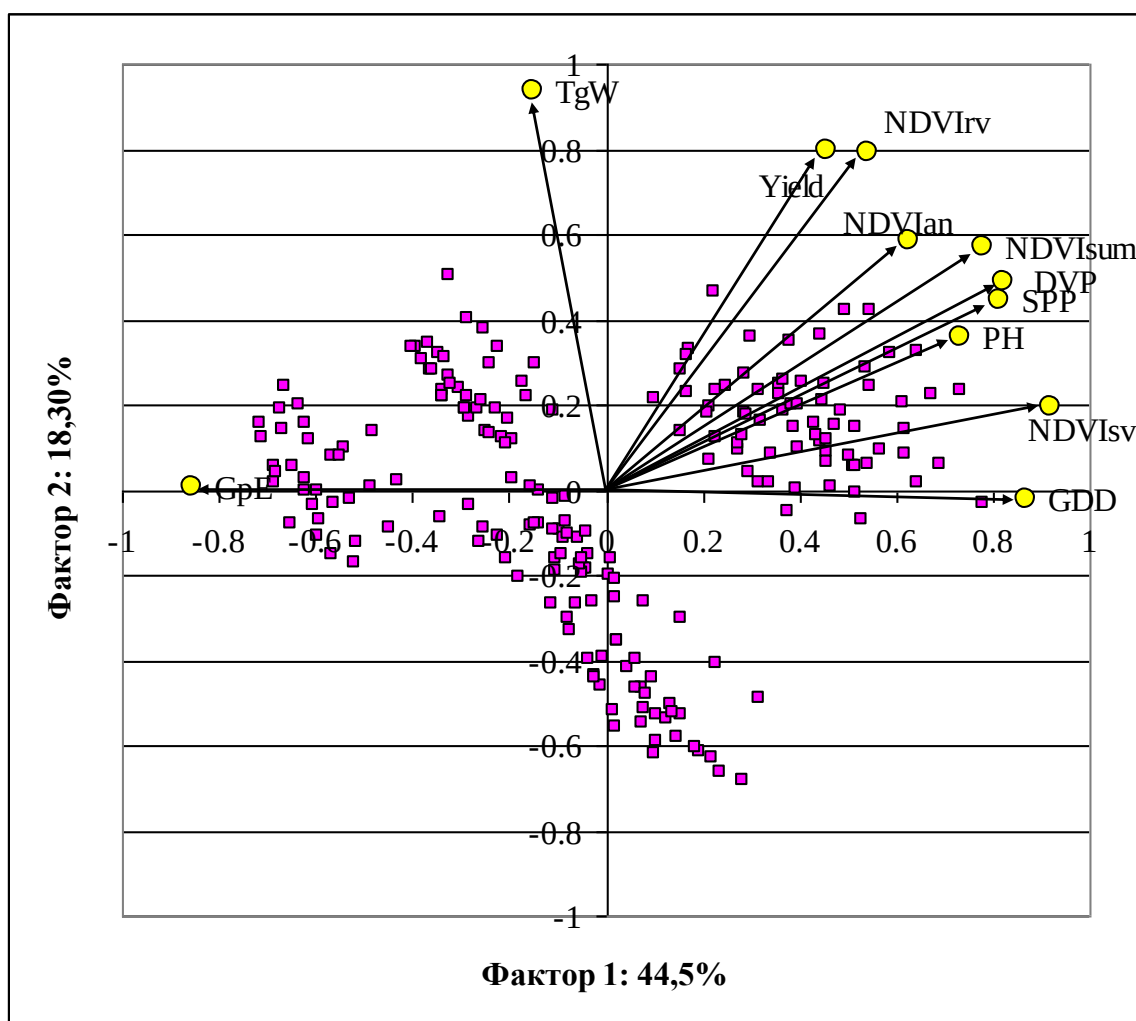


Рис. 1. Діаграма основних компонентів і асоціації генотипів пшениці з агрономічними ознаками. Умовні позначення відповідають табл.1. Крім того, SPP – сума опадів від сходів до колосіння, GDD – сума ефективних температур ($>5^{\circ}\text{C}$) від сходів до колосіння.

GGE-біплат дозволяє візуалізувати селекційні лінії щодо продуктивності та стабільності. Аналіз біплоту GGE, згідно з (Yan & Hunt, 2002, Yan & Tinker, 2006), показав, що для урожайності на горизонтальну вісь (PC1) припадало 56,8 % загальної варіації (основним був вплив генотипів), тоді як на вертикальну вісь (PC 2) припадало 31,02 % (стабільність), для показника NDVIan відповідно – 38,9 і 33,6 %, (рис. 2). Вісь середніх координат середовища (AEC) – це лінія зі

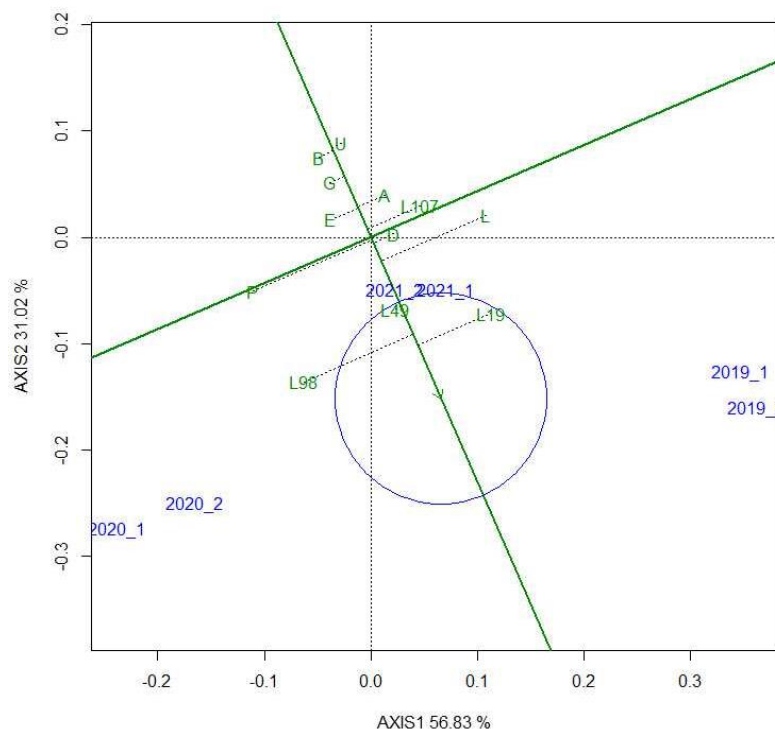
стрілкою, яка проходить від початку біплота до середнього середовища, зображеного пунктирним колом.

Пряма лінія зі стрілкою, яка проходить через початок біплота, називається середньою координатою середовища (AEC), вона вказує на лінії з найкращою продуктивністю. Лінія генотипу, перпендикулярна до осі AEC, представляє мінливість з точки зору стабільності. Таким чином, біплат розташував показники врожайності наступним чином: МІП Дніпрянка $>$ МІП Ассоль $>$ ЛЮТ

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

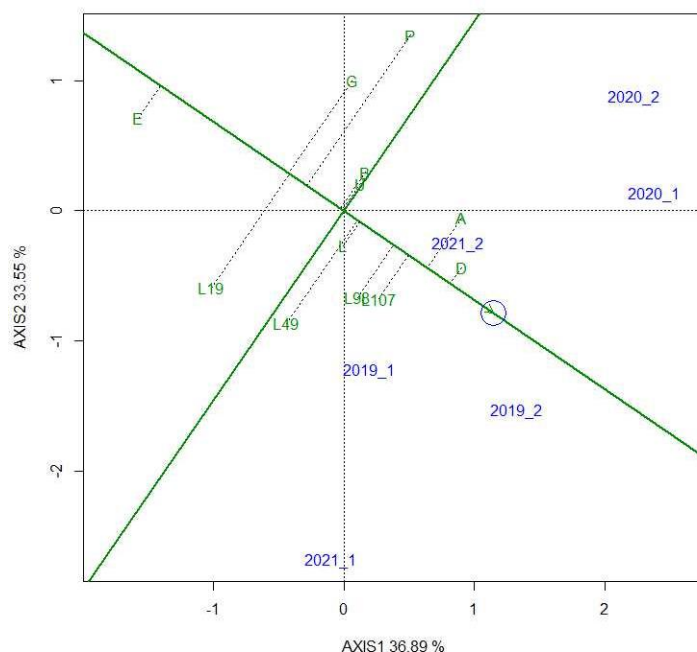
60107> ЛЮТ 55198> ЛЮТ 60049> МІП Лада, тобто сорти і лінії правіше від початку координат (значення адаптивної норми) відрізнялись за

продуктивністю у порядку зменшення проекції на вектор АЕС (рис. 2 Б).



NDVI при цвітінні (NDVIan)

А



Урожай зерна

В

Рис. 2. Біплотний графік за координатою середнього середовища (АЕС), що показує середню врожайність і стабільність 12 генотипів (А – NDVIan, В – урожай зерна), оцінених у 2018-2021 рр.

Практично аналогічним чином спостерігалось ранжування за показником NDVI – ЛЮТ 37519>ЛЮТ 55198>ЛЮТ 60049>МІП Лада>МІП>Дніпрянка (рис. 2 А 2В), винятком були лінія ЛЮТ 37519 і сорт МІП Ассоль. Аналізуючи характер цього біплота, слід зазначити, що в цілому характер розташування генотипів за урожаєм і показником NDVIan співпадав, відрізняючись в деяких нюансах, які, можливо пов'язані з генетично обумовленими особливостями реутилізації надземної біомаси в урожай зерна, адже NDVI є одним з індикаторів її накопичення.

Вісь, перпендикулярна АЕС, відображала стабільність урожайності генотипу (лінії). Стабільність урожайності генотипів вважається сильнішою, якщо довжина лінії, перпендикулярної горизонтальній осі АЕС, була коротшою. Генотипи МІП Дніпрянка, МІП Ассоль були найбільш стабільними та високопродуктивними, оскільки вони були найдалшими від центра з найкоротшою довжиною вектора. Найдовші вектори середовища серед тестових роблять його найбільш «дискримінаційним» з потенціалом для розрізнення різних генотипів. Порівняльний аналіз стабільності і урожайності за GGE-biplot показав, що сорт Дніпрянка був найстабільнішим, а також одним із найкращих за врожайністю у різних

досліджуваних середовищах. Подібним чином лінії ЛЮТ 60107 і ЛЮТ 55198 також мали вищу середню врожайність і стабільність, порівняно з іншими лініями, отже, їх можна використовувати як високопродуктивні в різних середовищах. Ці лінії можна також рекомендувати для подальшої реєстрації у якості сортів.

Стабільність генотипів за показником NDVIan виявилась дещо вищою, порівняно з урожайністю, проте загалом характер ранжування зберігався. Таким чином, проведений аналіз головних компонент, АММІ та GGE-biplot аналіз показав принципову можливість опосередкованої оцінки та вибору генотипів за урожайністю на основі спектральних вегетаційних індексів.

Розкладання фенотипової дисперсії на її компоненти, генотипову дисперсію та дисперсію середовища дозволило оцінити величину мінливості, зумовленої генотиповими особливостями, і, таким чином, оцінити такі параметри, як успадковуваність (h^2g), генетична дисперсія (V_g), залишкова дисперсія (V_e), фенотипова дисперсія (V_p), дисперсія взаємодії генотип $\times$ середовище V_{GEI} , селекційна точність, генотиповий коефіцієнт варіації CV_g , коефіцієнт залишкової варіації CV_e , і перевірити, для яких ознак є більший внесок через генотипову дисперсію. Висока успадковуваність була

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

оцінена для всіх досліджуваних ознак, представлених у таблиці 4.

4. Компоненти дисперсії та генетичні параметри 12 генотипів пшениці для 10 ознак МП, 2018-2021 рр.

Компоненти дисперсії *	Ознаки#									
	Yield	NDVIsv	NDVlrv	NDVlan	PH	SpL	SpN	GpE	MoK	WKE
h^2g	0.62	0.39	0.69	0.76	0.63	0.48	0.41	0.23	0.67	0.50
Vg	0.16	0.0001	0.0004	0.0035	14.72	0.14	0.16	0.77	4.31	0.01
V _{GEI}	0.36	0.0004	0.0006	0.0043	34.14	0.44	0.90	9.94	7.84	0.03
Ve	0.55	0.0245	0.0112	0.0018	35.55	0.44	1.01	50.02	13.31	0.21
Vr	0.08	0.0006	0.0004	0.0004	0.31	0.01	0.04	0.78	1.52	0.00
Vp	1.15	0.026	0.013	0.010	84.72	1.03	2.11	61.50	26.97	0.26
μ	7.15	0.52	0.60	0.71	103.7	9.3	17.0	39.2	44.3	1.7
CVg%	5.58	2.16	3.39	8.33	3.70	4.02	2.34	2.24	4.69	5.42
CVe%	10.33	30.18	17.69	6.00	5.75	7.11	5.93	18.05	8.24	26.37
CVp%	4.06	4.63	3.17	2.90	0.54	1.22	1.20	2.25	2.78	2.84
CVr%	15.03	30.85	18.77	14.08	8.88	10.94	8.57	20.02	11.73	29.10
p _G	0.036	0.330	0.011	0.002	0.030	0.052	0.269	0.079	0.014	0.087
p _{G×E}	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
p _E	0.000	0.000	0.000	0.034	0.002	0.036	0.050	0.001	0.081	0.000
LSD	0.75	0.03	0.04	0.09	7.08	0.81	0.90	2.24	3.66	0.20
LRT**	43.94	6.48	22.51	69.86	53.83	3.05	2.58	1.14	14.37	1.48

Умовні позначення ознак відповідають табл. 1.

* h^2g – успадковуваність у широкому розумінні; Vg – варіанса генотипу; V_{GEI} – варіанса G×E; Ve – варіанса середовища; Vr – залишкова дисперсія; Vp – фенотипова варіанса; μ – генеральне середнє; CVg%, CVe%, CVp%, CVr% – генотиповий, середовищний, фенотиповий та залишковий коефіцієнти варіації відповідно; p_G – значущість генотипу; p_E – значущість середовища; p_{G×E} – значущість взаємодії G×E; LSD – найменша суттєва різниця; LRT – тесту максимальної правдоподібності. ** $\chi^2_{1\%} = 6.63$, $\chi^2_{5\%} = 3.84$

Таке розкладання компонентів дисперсії є важливими для селекціонерів, оскільки вони допомагають у проведенні селекційних програм, спрямованих на отримання кращого результату. Високі значення коефіцієнта генетичної дисперсії (CVg) та успадкованості значення бажані для пошуку кращої генетичної конституції, оскільки ці зміни кількісно визначають величину генетичної варіації, доступної для відбору. Для більшості оцінюваних ознак спостерігалось переважання

генетичної варіації у фенотиповій дисперсії. Оцінки успадкованості ознак коливалися в межах від 0,23 (GpE) до 0,76 (NDVlan), оцінка за допомогою тесту максимальної правдоподібності (LRT) також підтвердила суттєвий вплив генотипів на більшість ознак. Таким чином, наявність генетичної мінливості цих ознак дає змогу відібрати кращі генотипи за фенотипами. Висока успадковуваність свідчить про те, що такий фенотип здебільшого зумовлений генотипом, варіації успадковуються наступним

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

поколінням, і добір на основі фенотипової варіації буде ефективним для покращення врожаю в майбутньому.

Проте для подальшого використання виділеного матеріалу у селекційному процесі важливо прогнозувати генетичну цінність, усуваючи вплив навколишнього середовища. Змішані моделі та багатофакторний аналіз є потужними інструментами для відбору кращих генотипів у програмах селекції рослин, зокрема метод BLUP (найкращий лінійний неупереджений прогноз) використовували для прогнозування генетичних цінностей та визначення потенціалу генотипів пшениці для генетичного вдосконалення рослин завдяки відбору багатьох ознак (Zobel, Wright & Gauch, 1988, Gauch, 2013). Значення, передбачені за допомогою методології BLUP для досліджених ознак, вказують на бажані генотипові значення ліній і сортів, оскільки вони демонструють перевагу по відношенню до середнього значення і до стандарту і таким чином можна виділити кращі лінії. Результати такого аналізу для урожаю зерна і величини показника NDVI_{an} представлені на рисунку 3. За прогнозованими генетичними значеннями урожайності генотипи

розташувались у такому порядку: МПІ Дніпрянка>МПІ Ассоль>ЛЮТ 55198>ЛЮТ 60107> МПІ Лада (рис. 5А), інші (за винятком лінії ЕР 55023) від стандарту Подольська не відрізнялись.

За прогнозованими генетичними значеннями NDVI_{an} порядок генотипів був наступним: МПІ Ассоль>МПІ Дніпрянка>ЛЮТ 55198>ЕР 55023> МПІ Лада, інші (за виключенням МПІ Ювілейна) від стандарту не відрізнялись. Важливо, що ТОП-3 в обох випадках були сорти МПІ Ассоль, МПІ Дніпрянка і лінія ЛЮТ 55198, що свідчить про перспективність використання показника NDVI як фонові ознаки для добору високопродуктивних генотипів. Однак методів аналізу за однією ознакою і аналізу середнього значення, регресії та відхилення від регресії може бути недостатньо для оцінки продуктивності і стабільності за багатьма ознакам і середовищами. Тому дані аналізують за індексом стабільності багатьох ознак, як, наприклад, середньозважене значення суми абсолютних балів, запропонованих Olivoto та ін. (Olivoto et al., 2019), або рейтингом адаптивності сорту у багатьох середовищах, як запропоновано зокрема В.А. Власенком (Власенко, 2006).

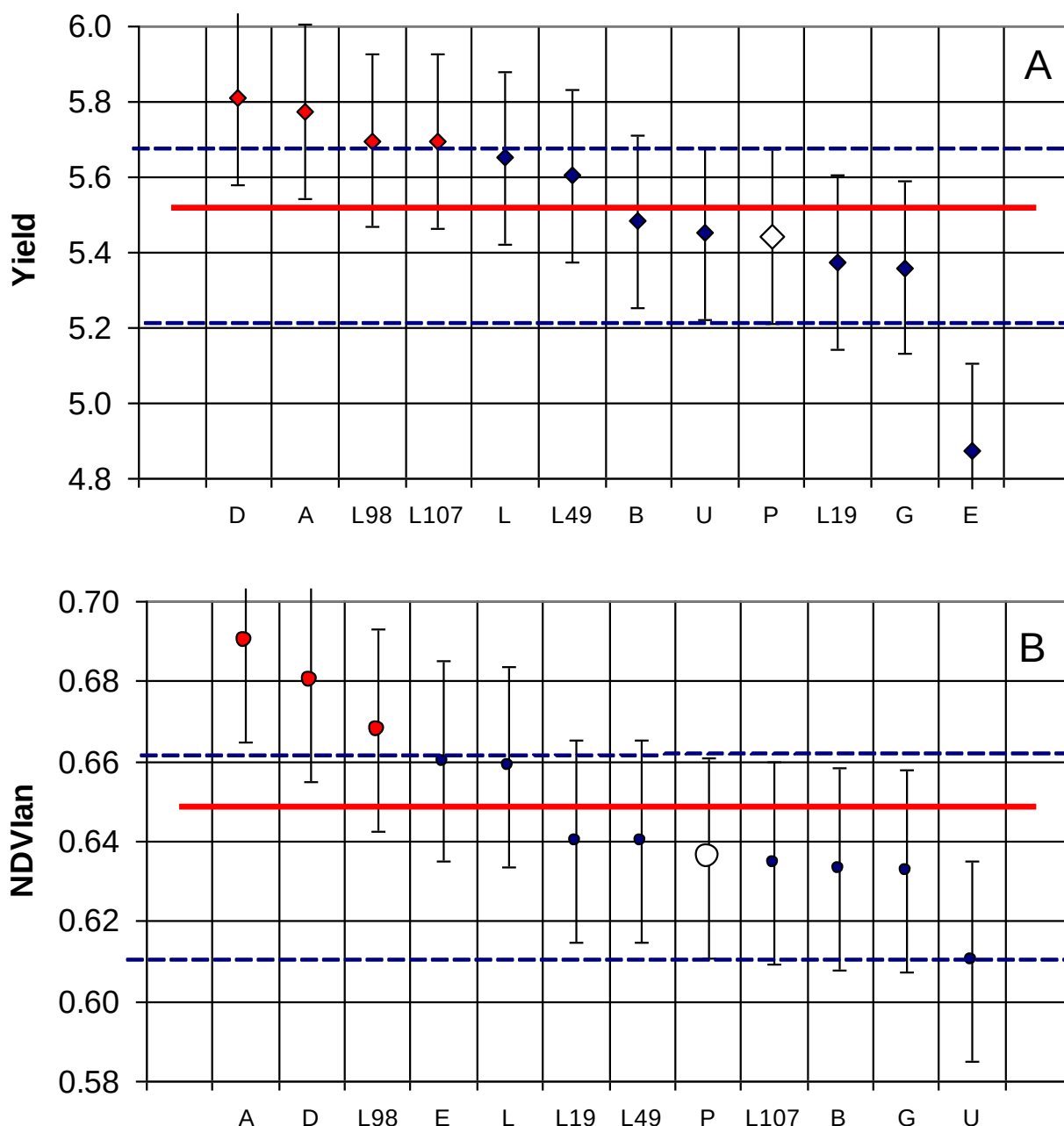


Рис. 3 Прогнозовані генетичні значення (найкращий лінійний неупереджений прогноз – BLUP) 12 генотипів озимої пшениці для ознак: урожай (Yield, т/га) та NDVIan.

Червоні (сприятливі) і сині (несприятливі) крапки представляють генотипові значення вище або нижче загального середнього (червона лінія), білі крапки представляють стандарт (Подільська). Стовпчики являють собою довірчий інтервал генотипового значення. Синім пуктиром виділено довірчий інтервал для порівняння зі стандартом.

Індекс підсумовування рангів I_j (Mulamba & Mock, 1978) є аналогом попереднього з тією різницею, що він застосовується для прогнозованих

генетичних значень. За індексом I_j , індексом дистанції між генотипом і ідеотипом D_{ii}'' (Wricke & Weber, 1986), та індексом Z (Mendes, Ramalho

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

& Abreu, 2009) на основі передбачуваних значень кращих генотипів, які переважають стандарт, було розраховано селекційний приріст (selection gain – SG) за всіма показниками і відсоток селекційного приросту (SG%). Слід зазначити, що індекс Z, запропонований Mendes F.F. et al. (Mendes, Ramalho & Abreu, 2009), є аналогом індексу відхилення від адаптивної норми, запропонованого П.П. Літуном та ін. (Літун та ін., 2009), і також відрізняється лише застосуванням до прогнозованих генотипових значень ознак. Результати такої оцінки наведено у таблиці 5. Звертає на себе увагу те, що різні індекси дають дещо різні прогнозовані значення селекційних приростів, оскільки набір відібраних генотипів відрізняється. Добір за індексом Ij забезпечив найбільшу суму оцінок SG % (14,3 %), порівняно з іншими моделями добору. Проте представлені генотипи, відібрані за цим індексом, мають середнє значення висоти рослин на 1,6 см більше, що, очевидно, є несприятливим для програм селекції пшениці.

Відбір за NDVI забезпечив очікуваний приріст урожайності, співставний з безпосереднім добором на продуктивність, однак інші показники мали менше селекційне зрушення. Можливо також, що для більш точної оцінки потрібне включення певних вагових коефіцієнтів для різних ознак,

оскільки в цільову ознаку (урожай зерна) вони мають різний вклад.

Очевидно, це потребує додаткового вивчення, зокрема відсутність однакового SG% серед усіх ознак у сприятливому напрямку відбору можна пояснити існуванням лінійного зв'язку між ознаками. Якщо природа цього зв'язку зумовлена генетичними факторами, він може бути порушений внаслідок рекомбіногенезу.

Більш інформативним може бути індекс Z (індекс відхилення від адаптивної норми). На основі зваженого значення цього індексу за всіма ознаками чи за їх групою можна виявити ті, за якими генотипи можуть бути класифіковані як бажані чи небажані в багатьох середовищах.

На рисунку 4 представлена оцінка генотипів за значенням індексу Z при відборі генотипів тільки за продуктивністю (рис. 4А), за індексами NDVI (рис. 4В), морфобіометричними ознаками (рис. 4С) та за комплексом ознак (рис. 4D). При цьому при відборі за урожайністю виділились генотипи МІП Ассоль, МІП Дніпрянка, ЛЮТ 55198, ЛЮТ 37519, ЛЮТ 60049, ЛЮТ 60107; при відборі за показниками NDVI – МІП Лада, МІП Дніпрянка, ЛЮТ 37519, ЛЮТ 60049, ЛЮТ 60107; за морфобіометричними ознаками – МІП Ассоль, Балада МИР, ЛЮТ 55198; за комплексом ознак – МІП Ассоль, Балада МИР, МІП Лада, МІП Дніпрянка, ЛЮТ 55198, ЛЮТ 37519. Селекційні лінії, які знаходяться

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

близько до кола, потребують продуктивність близька до подальшого дослідження на предмет адаптивної норми. стабільності, оскільки їх

5. Оцінки загальних середніх значень ($\bar{X}_0$), середніх значень відібраних генотипів ($\bar{X}_s$), селекційного диференціалу (SD), успадкованості (h^2), селекційного приросту (SG) та його частки в % (SG%) при одночасному відборі для кращих генотипів озимої пшениці за шістьма ознаками.

Ознака	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	SD	h^2	SG	SG%	Відібрані генотипи
Індекс підсумовування рангів							
Урожайність	7,1	7,39	0,39	0,62	0,24	3,24	ЛЮТ 55198
Висота рослин	103,7	103,30	2,63	0,63	1,65	1,60	МП Лад
Довжина колоса	9,3	9,31	0,25	0,48	0,12	1,30	МП Ассоль
Кількість зерен	39,2	39,45	0,65	0,23	0,15	0,38	ЛЮТ 60049
Маса зернівки	44,3	45,15	2,15	0,67	1,44	3,19	
Маса зерна з колоса	1,7	1,80	0,17	0,50	0,09	4,84	
Тривалість періоду сходи-колосіння (ТВП)	212,1	212,9	-0,92	0,59	-0,54	-0,25	$\Sigma=14,3\%^*$
Індекс дистанції між генотипом і ідеотипом							
Урожайність	7,1	7,19	0,09	0,62	0,06	0,79	ЕР 55023
Висота рослин	103,7	101,49	-2,21	0,63	-1,39	-1,37	ЛЮТ 55198
Довжина колоса	9,3	9,30	0,00	0,48	0,00	0,03	ЛЮТ 37519
Кількість зерен	39,2	39,24	0,04	0,23	0,01	0,03	ЛЮТ 60049
Маса зернівки	44,3	44,50	0,20	0,67	0,13	0,30	
Маса зерна з колоса	1,7	1,76	0,06	0,50	0,03	1,83	
ТВП	212,1	209,76	-2,33	0,59	-1,37	-0,65	$\Sigma=0,95\%$
Відбір за продуктивністю							
Урожайність	7,1	7,41	0,31	0,62	0,19	2,57	МП Дніпрянка
Висота рослин	103,7	104,89	1,44	0,63	0,91	0,86	МП Ассоль
Довжина колоса	9,3	9,33	0,22	0,48	0,11	1,13	ЛЮТ 55198
Кількість зерен	39,2	39,34	0,51	0,23	0,12	0,30	ЛЮТ 60107
Маса зернівки	44,3	44,51	1,95	0,67	1,30	2,93	ЛЮТ 60049
Маса зерна з колоса	1,7	1,77	0,10	0,50	0,05	2,83	
ТВП	212,1	212,40	-1,23	0,59	-0,73	-0,34	$\Sigma=10,3\%$
Відбір за NDVI							
Урожайність	7,1	7,39	0,29	0,62	0,18	2,46	МП Лад
Висота рослин	103,7	101,77	-1,93	0,63	-1,22	-1,19	ЛЮТ 37519
Довжина колоса	9,3	9,35	0,05	0,48	0,02	0,25	МП Дніпрянка
Кількість зерен	39,2	39,39	0,19	0,23	0,04	0,11	ЛЮТ 60049
Маса зернівки	44,3	44,76	0,46	0,67	0,31	0,69	ЛЮТ 60107
Маса зерна з колоса	1,7	1,75	0,05	0,50	0,03	1,54	
ТВП	212,1	212,13	0,04	0,59	0,02	0,01	$\Sigma=3,88\%$

* Σ – сума відсоток селекційного приросту

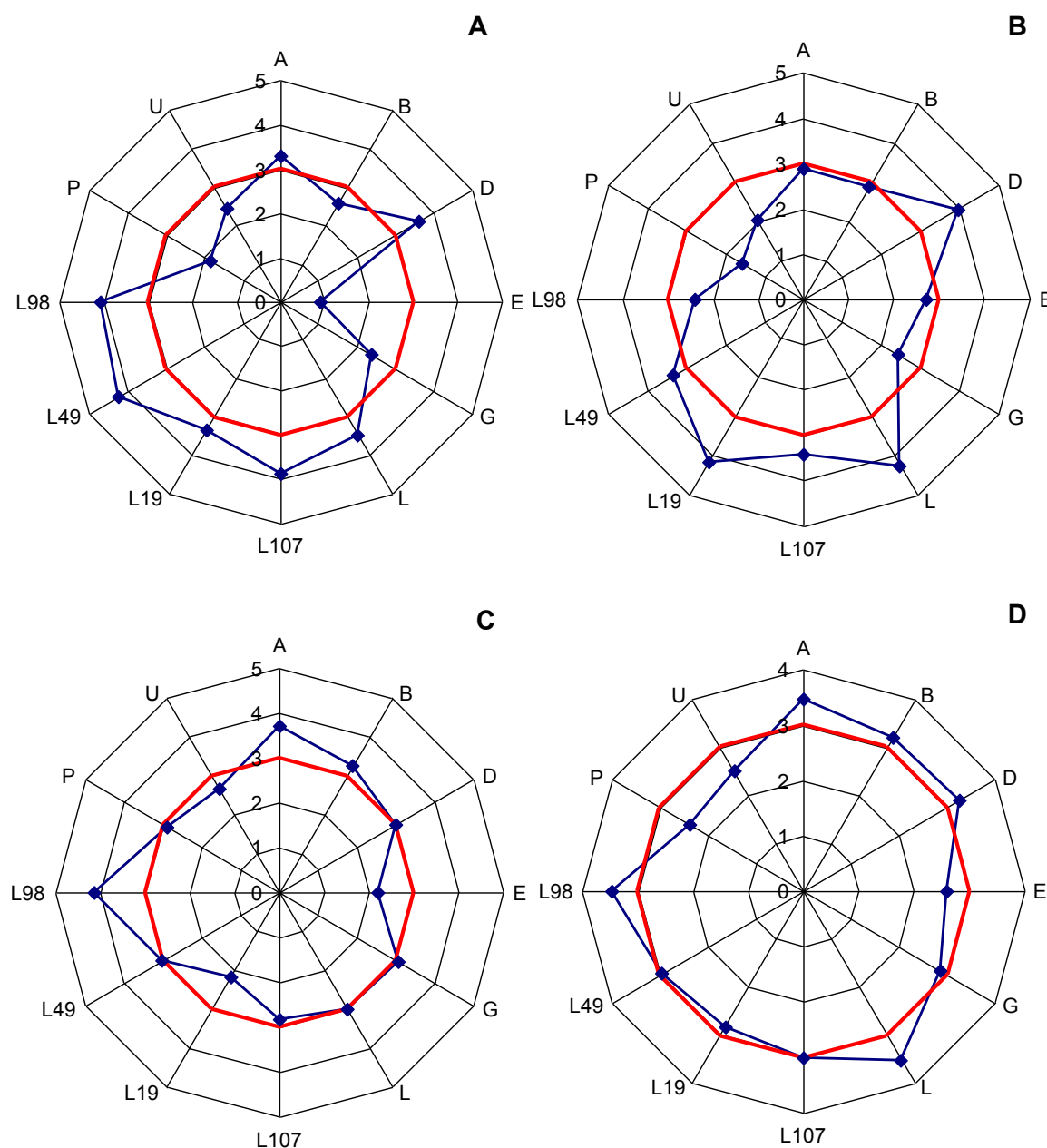


Рис. 4. Прогнозування генетичних переваг за допомогою зваженого індексу віддаленості від адаптивної норми (Z-індекс), застосованого до передбачених BLUP генотипових значень урожайності (А), індексу NDVI при припиненні та відновленні вегетції і при цвітінні (В), морфобіометричних показників (С) та за комплексом ознак (D). Відібрані генотипи мають значення >3.

Така ж оцінка за графічним відображенням індексу Z для генетичних значень окремих ознак може бути корисною для більш детального вивчення генотипів за окремими ознаками чи групами ознак.

За допомогою візуального аналізу за індексом Z можна визначити більшу частку сприятливих алелей для всіх ознак, які розглядаються при відборі. За подібністю зображень на рисунку 4 найбільшим був рівень узгодженості

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

між відбором за продуктивністю та відбором за індексом NDVI. Це є свідченням можливості використання спектральних вегетаційних індексів у селекційному процесі, особливо враховуючи дистанційний та недеструктивний характер оцінки, а метод REML/BLUP у поєднанні з багатоваріантними методами для вибору кращих генотипів з графічним виділенням за індексом Z генотипів дозволяє визначити їх як перспективні за комплексом ознак. Для селекції ліній пшениці також цікавим є розташування показників генотипових значень для виявлення кращих генотипів за селекційними ознаками, що виділяються графічно за індексом Z.

Висновки і перспективи.

Встановлено можливість використання спектральних вегетаційних індексів, отриманих із БПЛА, у селекційному процесі. Більш

точна ідентифікація високоперспективних генотипів за комплексом ознак забезпечується поєднанням застосуванням багатовимірних статистичних методів, селекційних індексів із безпосереднім використанням показників NDVI.

Метод REML/BLUP, у поєднанні з багатовимірними методами АММІ та GGE-біплот із графічним виділенням генотипів за індексом Z, дозволяє визначити перспективні за комплексом ознак. Виділено лінії ЛЮТ 55198, ЛЮТ 37519, ЛЮТ 60049, ЛЮТ 6010 і сорти МІП Лада, МІП Дніпрянка для подальшого використання в програмах селекції. Перспективою подальших досліджень є підвищення точності оцінки і добору потенційно високоврожайних і стабільних ліній пшениці в селекційних програмах за допомогою дистанційного зондування з обмеженням використання традиційних деструктивних методів.

Список використаних джерел

1. Ray D.K., Mueller N.D., West P.C., Foley J.A. Yield trends are insufficient to double global crop production by 2050. *PLoS One*. 2013. Vol. 8, Iss. 6. Article number e66428. doi: 10.1371/journal.pone.0066428
2. Chawade A., Van Ham J., Blomquist H. et al. High-throughput field-phenotyping tools for plant breeding and precision agriculture. *Agronomy*. 2019. 10(5): 258. doi: 10.3390/agronomy9050258
3. Bendig J., Yu K., Aasen, H. et al. Combining UAV-based plant height from crop surface models, visible, and near infrared vegetation indices for biomass monitoring in barley. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*. 2015. Vol. 39. P. 79–87. doi: 10.1016/j.jag.2015.02.012
4. Chapman S.C., Merz T., Chan A. et al. (2014). Pheno-copter: A low- altitude,

autonomous remote-sensing robotic helicopter for high-throughput field- based phenotyping. *Agronomy*. 2014. Vol. 4, Iss. 2. P. 279–301. doi: 10.3390/agronomy4020279

5. Haghighattalab A., González Pérez L., Mondal, S. et al. (2016). Application of unmanned aerial systems for high throughput phenotyping of large wheat breeding nurseries. *Plant Methods*. 2016. Vol. 12, Iss. 1. Article number 35. doi: 10.1186/s13007-016-0134-6

6. Zhang J., Virk S., Porter W. et al. Applications of unmanned aerial vehicle based imagery in turfgrass field trials. *Frontiers in Plant Science*. 2019. Vol. 10. Article number 279. doi: 10.3389/fpls.2019.00279

7. Lee C.-J., Yang M.-D., Tseng H.-H. et al. Single-plant broccoli growth monitoring using deep learning with UAV imagery. *Computers and Electronics in Agriculture*. 2023. Vol. 207. Article number 107739. doi:

8. Potgieter A.B., George-Jaeggli B., Chapman S.C. et al. Multi-spectral imaging from an unmanned aerial vehicle enables the assessment of seasonal leaf area dynamics of sorghum breeding lines. *Frontiers in Plant Science*. 2017. Vol. 8. Article number 1532. doi: 10.3389/fpls.2017.01532

9. Guillen-Climent M.L., Zarco-Tejada P.J., Berni J.A.J. et al. Mapping radiation interception in row-structured orchards using 3D simulation and high-resolution airborne imagery acquired from a UAV. *Precision Agriculture*. 2012. Vol. 13, Iss. 4. P. 473–500. doi: 10.1007/s11119-012-9263-8

10. Cabrera-Bosquet L., Molero G., Stellacci A. et al. NDVI as a potential tool for predicting biomass, plant nitrogen content and growth in wheat genotypes subjected to different water and nitrogen conditions. *Cereal Research Communications*. 2011. Vol. 39, Iss. 1. P. 147–159. doi: 10.1556/CRC.39.2011.1.15

11. Acorsi M. G., Abati Miranda F. das D., Martello M. et al. Estimating biomass of black oat using UAV-based RGB imaging. *Agronomy*. 2019. Vol. 9, Iss. 7. Article number 344. doi: 10.3390/agronomy9070344

12. Hassan M.A., Yang M., Rasheed A. et al. A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Science*. 2019. Vol. 282. P. 95–103. doi: 10.1016/j.plantsci.2018.10.022

13. Su J., Liu C., Coombes M. et al. Wheat yellow rust monitoring by learning from multispectral UAV aerial imagery. *Computers and Electronics in Agriculture*. 2018. Vol. 155. P. 157–166. doi: 10.1016/j.compag.2018.10.017

14. Rutkoski J., Poland J., Mondal S. et al. Canopy temperature and vegetation indices from high-throughput phenotyping improve accuracy of pedigree and genomic selection for grain yield in wheat. *G3: Genes, Genomes, Genetics*. 2016. Vol. 6, Iss. 9. P. 2799–2808. doi: 10.1534/g3.116.032888

15. Hoffmeister D., Waldhoff G., Korres W. et al. Crop height variability detection in a single field by multi-temporal terrestrial laser scanning. *Precision Agriculture*, 2016. Vol. 17. P. 296–312. doi: 10.1007/s11119-015-9420-y

16. Du M., Noguchi N. Monitoring of

wheat growth status and mapping of wheat yield's within-field spatial variations using color images acquired from UAV-camera System. *Remote Sensing*. 2017. Vol. 9, Iss. 3. Article number 289. doi: 10.3390/rs9030289

17. Olanrewaju S., Rajan N., Ibrahim A.M.H. et al. Using aerial imagery and digital photography to monitor growth and yield in winter wheat. *International Journal of Remote Sensing*. 2019. Vol. 40, Iss. 18, P. 6905–6929. doi: 10.1080/01431161.2019.1597303

18. Yang C., Everitt J.H. Relationships between yield monitor data and airborne multitemporal multispectral digital imagery for grain sorghum. *Precision Agriculture*. 2002. Vol. 3. P. 373–388. doi: 10.1023/A:1021544906167

19. Duan B., Fang S., Zhu R. et al. Remote estimation of rice yield with unmanned aerial vehicle (uav) data and spectral mixture analysis. *Frontiers in Plant Science*. 2019. Vol. 10. Article number 204. doi: 10.3389/fpls.2019.00204

20. Wang F., Wang F., Zhang Y. et al. Rice yield estimation using parcel-level relative spectral variables from uav-based hyperspectral imagery. *Frontiers in Plant Science*. 2019. Vol. 10. Article number 453. doi: 10.3389/fpls.2019.00453

21. Sun J., Poland J.A., Mondal S. et al. High-throughput phenotyping platforms enhance genomic selection for wheat grain yield across populations and cycles in early stage. *Theoretical and Applied Genetics*. 2019. Vol. 132, Iss. 6. P. 1705–1720. doi: 10.1007/s00122-019-03309-0

22. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). 5-е изд., перераб. и доп. Москва: Агропромиздат, 1985. 351 с.

23. Методика проведення експертизи та державного сортовипробування сортів рослин зернових, круп'яних та зернобобових культур. Охорона прав на сорти рослин : офіц. бюл. / за ред ВВ. Волкодава. Київ : Алефа, 2003. Вип. 2, Ч. 3. 241 с.

24. Rouse J.W., Haas R.H., Schell J.A. et al. (1973). Monitoring vegetation systems in the great plains with ERTS. *Third Earth Resources Technology Satellite (ERTS)*

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

Symposium. 1973. Vol. 1. P. 309–317. Retrieved from <https://ntrs.nasa.gov/archive/nasa/casi.ntrs.nasa.gov/19740022614.pdf>

25. Zobel R.W., Wright M.J., Gauch H.G. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*. 1988. Vol. 80, Iss. 3. P. 388–393.

26. Gauch H.G. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. *Crop Science*. 2013. Vol. 53, Iss. 5. P. 1860–1869. doi: 10.2135/cropsci2013.04.0241

27. Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnic Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*. 2000. Vol. 40, Iss. 3. P. 597–605.

28. Pacheco A., Vargas M., Alvarado G. et al. GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R for Windows.) Version 4.1. (2016/08/3) URL: <http://hdl.handle.net/11529/10203>

29. Alvarado G., López M., Vargas M. et al. META-R (Multi Environment Trial Analysis with R for Windows.) Version 6.0. (2016/11/30) URL: <http://hdl.handle.net/11529/10201>

30. Mulamba N.N., Mock J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*. 1978. Vol. 7. P. 40–51.

31. Wricke G., Weber W.E. (1986). Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding (1st ed.). New York: Walter de Gruyter, 1986. 408 p.

32. Mendes F.F., Ramalho M.A.P., Abreu A.F.B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 2009. V. 44, N. 10. P. 1312–1318. doi: 10.1590/S0100-204X2009001000015

33. Hassan M.A., Yang M., Rasheed A. et al. (2019). A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Science*. 2019. Vol. 282. P. 95–103.

34. Le Cun Y., Bengio Y., Hinton G. Deep learning. *Nature*. 2015. Vol. 521. P. 436–444. doi: 10.1038/nature14539

35. Yan W., Hunt L. Biplot analysis of diallel data. *Crop Science*. 2002. Vol. 42, Iss. 1. P. 21–30. doi: 10.2135/cropsci2002.0021

36. Yan W., Tinker N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*. 2006. Vol. 86, Iss. 3. P. 623–645. doi: 10.4141/P05-169

37. Olivoto T., Lucio A.D., da Silva J.A. et al. 2019. Mean performance and stability in multi environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*. 2019. Vol. 111, Iss. 6. P. 2949–2960. doi: 10.2134/agronj2019.03.0220

38. Власенко В.А. Оцінка адаптивності сортів пшениці м'якої ярої. *Сортовивчення та охорона прав на сортирослин*. 2006. № 4. С. 93–103. doi: 10.21498/2518-1017.4.2006.68043

39. Літун П.П., Кириченко В.В., Петренко В.П., Коломацька В.П. Системний аналіз в селекції польових культур. Харків, 2009. 351 с.

References

1. Ray, D.K., Mueller, N.D., West, P.C., & Foley, J.A. (2013). Yield trends are insufficient to double global crop production by 2050. *PLoS One*, 8(6): e66428. doi: 10.1371/journal.pone.0066428

2. Chawade, A., Van Ham, J., Blomquist, H., Bagge, O., Alexandersson, E., & Ortiz, R. (2019). High-throughput field-phenotyping tools for plant breeding and precision agriculture. *Agronomy*, 10(5): 258. doi: 10.3390/agronomy9050258

3. Bendig, J., Yu, K., Aasen, H., Bolten, A., Bennertz, S., Broscheit, J., Gnyp, M.L., & Bareth, G. (2015). Combining UAV-based plant height from crop surface models, visible, and near infrared vegetation indices for biomass monitoring in barley. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 39, 79–87. doi: 10.1016/j.jag.2015.02.012

4. Chapman, S.C., Merz, T., Chan, A., Jackway, P., Hrabar, S., Dreccer, M.F., Holland, E., Zheng, B., Ling, T. J., & Jimenez-Berni, J. (2014). Pheno-copter: A low-altitude, autonomous remote-sensing robotic helicopter for high-throughput field-based phenotyping. *Agronomy*, 4(2), 279–301. doi: 10.3390/agronomy4020279

5. Haghighattalab, A., González Pérez, L., Mondal, S., Singh, D., Schinstock, D., Rutkoski, J., Ortiz-Monasterio, I., Singh, R. P., Goodin, D., & Poland, J. (2016). Application of unmanned aerial systems for high throughput phenotyping of large wheat breeding nurseries. *Plant Methods*, 12(1): 35. doi: 10.1186/s13007-016-0134-6
6. Zhang, J., Virk, S., Porter, W., Kenworthy, K., Sullivan, D., & Schwartz, B. (2019). Applications of unmanned aerial vehicle based imagery in turfgrass field trials. *Frontiers in Plant Science*, 10: 279. doi: 10.3389/fpls.2019.00279
7. Lee, C.-J., Yang, M.-D., Tseng, H.-H., Hsu, Y.-C., Sung, Y., & Chen, W.-L. (2023). Single-plant broccoli growth monitoring using deep learning with UAV imagery. *Computers and Electronics in Agriculture*, 207: 107739. doi: 10.1016/j.compag.2023.107739
8. Potgieter, A.B., George-Jaeggli, B., Chapman, S.C., Laws, K., Cadavid, L.A.S., Wixted, J., Watson, J., Eldridge, M., Jordan, D.R., & Hammer, G.L. (2017). Multi-spectral imaging from an unmanned aerial vehicle enables the assessment of seasonal leaf area dynamics of sorghum breeding lines. *Frontiers in Plant Science*, 8: 1532. doi: 10.3389/fpls.2017.01532
9. Guillen-Climent, M.L., Zarco-Tejada, P.J., Berni, J.A.J., North, P.R.J., & Villalobos, F.J. (2012). Mapping radiation interception in row-structured orchards using 3D simulation and high-resolution airborne imagery acquired from a UAV. *Precision Agriculture*, 13(4), 473–500. doi: 10.1007/s11119-012-9263-8
10. Cabrera-Bosquet, L., Molero, G., Stellacci, A., Bort, J., Nogués, S., & Araus, J. (2011). NDVI as a potential tool for predicting biomass, plant nitrogen content and growth in wheat genotypes subjected to different water and nitrogen conditions. *Cereal Research Communications*, 39(1), 147–159. doi: 10.1556/CRC.39.2011.1.15
11. Acorsi, M. G., Abati Miranda, F. das D., Martello, M., Smaniotto, D.A., & Sartor, L.R. (2019). Estimating biomass of black oat using UAV-based RGB imaging. *Agronomy*, 9(7): 344. doi: 10.3390/agronomy9070344
12. Hassan, M.A., Yang, M., Rasheed, A., Yang, G., Reynolds, M., Xia, X., Xiao, Y., & He, Z. (2019). A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Science*, 282, 95–103. doi: 10.1016/j.plantsci.2018.10.022
13. Su, J., Liu, C., Coombes, M., Hu, X., Wang, C., Xu, X., Li, Q., Guo, L., & Chen, W. H. (2018). Wheat yellow rust monitoring by learning from multispectral UAV aerial imagery. *Computers and Electronics in Agriculture*, 155, 157–166. doi: 10.1016/j.compag.2018.10.017
14. Rutkoski, J., Poland, J., Mondal, S., Autrique, E., Pérez, L.G., Crossa, J., Reynolds, M., & Singh, R. (2016). Canopy temperature and vegetation indices from high-throughput phenotyping improve accuracy of pedigree and genomic selection for grain yield in wheat. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 6(9), 2799–2808. doi: 10.1534/g3.116.032888
15. Hoffmeister, D., Waldhoff, G., Korres, W., Curdt, C., & Bareth, G. (2016). Crop height variability detection in a single field by multi-temporal terrestrial laser scanning. *Precision Agriculture*, 17, 296–312. doi: 10.1007/s11119-015-9420-y
16. Du, M., & Noguchi, N. (2017). Monitoring of wheat growth status and mapping of wheat yield's within-field spatial variations using color images acquired from UAV-camera System. *Remote Sensing*, 9(3): 289. doi: 10.3390/rs9030289
17. Olanrewaju, S., Rajan, N., Ibrahim, A.M.H., Rudd, J.C., Liu, S., Sui, R., Jessup, K.E., & Xue, Q. (2019). Using aerial imagery and digital photography to monitor growth and yield in winter wheat. *International Journal of Remote Sensing*, 40(18), 6905–6929. doi: 10.1080/01431161.2019.1597303
18. Yang, C., & Everitt, J.H. (2002). Relationships between yield monitor data and airborne multitemporal multispectral digital imagery for grain sorghum. *Precision Agriculture*, 3, 373–388. doi: 10.1023/A:1021544906167
19. Duan, B., Fang, S., Zhu, R., Wu, X., Wang, S., Gong, Y., & Peng, Y. (2019). Remote estimation of rice yield with unmanned aerial vehicle (uav) data and spectral mixture analysis. *Frontiers in Plant Science*, 10: 204. doi: 10.3389/fpls.2019.00204
20. Wang, F., Wang, F., Zhang, Y., Hu,

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.

J., Huang, J., & Xie, J. (2019). Rice yield estimation using parcel-level relative spectral variables from uav-based hyperspectral imagery. *Frontiers in Plant Science*, 10: 453. doi: 10.3389/fpls.2019.00453

21. Sun, J., Poland, J.A., Mondal, S., Crossa, J., Juliana, P., Singh, R.P., Rutkoski, J.E., Jannink, J.L., Crespo-Herrera, L., Velu, G., Huerta-Espino, J., & Sorrells, M.E. (2019). High-throughput phenotyping platforms enhance genomic selection for wheat grain yield across populations and cycles in early stage. *Theoretical and Applied Genetics*, 132(6), 1705–1720. doi: 10.1007/s00122-019-03309-0

22. Dospekhov, B.A. (1985). Methodology of Field Experiments (with the Basics of Statistical Processing of Research Results) (5th ed., rev. and enl.) Moscow: Agropromizdat. [in Russian]

23. Volkodav, V. (Ed.). (2003). Methods of Examination and State Variety Testing Grains, Cereals and Legumes. Right Protection for Plant Varieties. Kyiv: Alefa, 2(3). [in Ukrainian]

24. Rouse, J.W., Haas, R.H., Schell, J.A., Deering, D.W., & Harlan, J.C. (1973). Monitoring vegetation systems in the great plains with ERTS. In: *Third Earth Resources Technology Satellite (ERTS) Symposium*, 1 (pp. 309–317). Retrieved from <https://ntrs.nasa.gov/archive/nasa/casi.ntrs.nasa.gov/19740022614.pdf>

25. Zobel, R.W., Wright, M.J. & Gauch, H.G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80(3), 388–393.

26. Gauch, H.G. (2013). A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. *Crop Science*, 53(5), 1860–1869. doi: 10.2135/cropsci2013.04.0241

27. Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q., & Szlavniks, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40(3), 597–605.

28. Pacheco, A., Vargas, M., Alvarado, G., Rodríguez, F., López, M., Crossa, J., & Burgueño, J. (2016/08/3). GEA-R (Genotype x Environment Analysis whit R for Windows.) Version 4.1. Retrieved from: <http://hdl.handle.net/11529/10203>

29. Alvarado, G., López, M., Vargas, M., Pacheco, A., Pacheco, A., Burgueño, J., &

Crossa, J. (2016/11/30). META-R (Multi Environment Trial Analysis whit R for Windows.) Version 6.0. Retrieved from: <http://hdl.handle.net/11529/10201>

30. Mulamba, N.N., & Mock, J.J. (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7, 40–51.

31. Wricke, G., & Weber, W.E. (1986). Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding (1st ed.). New York: Walter de Gruyter.

32. Mendes, F.F., Ramalho, M.A.P., & Abreu, A.F.B. (2009). Selection index for choosing segregating populations in common bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(10), 1312–1318. [in Portuguese]. doi: 10.1590/S0100-204X2009001000015

33. Hassan, M.A., Yang, M., Rasheed, A., Yang, G., Reynolds, M., Xia, X., Xiao, Y., & He, Z. (2019). A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Science*, 282, 95–103.

34. Le Cun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521, 436–444. doi: 10.1038/nature14539

35. Yan, W., & Hunt, L. (2002). Biplot analysis of diallel data. *Crop Science*, 42(1), 21–30. doi: 10.2135/cropsci2002.0021

36. Yan, W., & Tinker, N.A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3), 623–645. doi: 10.4141/P05-169

37. Olivoto, T., Lucio, A.D., da Silva, J.A., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi environment trials. I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949–2960. doi: 10.2134/agronj2019.03.0220

38. Vlasenko, V. (2006). Estimation of adaptive of bread spring wheats varieties. *Plant Varieties Studying and Protection*, 4, 93–103. [in Ukrainian] doi: 10.21498/2518-1017.4.2006.68043

39. Litun, P.P., Kyrychenko, V.V., Petrenkova, V.P., & Kolomatska, V.P. (2009). Systemic Analysis in Field Crop Breeding.

Топко Р. І., Волощук С. І., Ковалишина Г. М.
Kharkiv: Plant Production Institute nd. a V. Ya.
Yuryev of UAAS. [in Ukrainian]

EVALUATION OF WINTER BREAD WHEAT GENOTYPES BASED ON REMOTE SENSING DATA AND AGRONOMIC TRAITS RELATED TO YIELD

R. I. Topko, S. I. Voloshchuk, H. M. Kovalyshyna

Abstract. Genetic improvement of wheat requires enhancement and application of more effective methods of phenotyping and assessment of genetic gain of breeding lines. Purpose. To evaluate the possibility of using spectral vegetation indices with the involvement of determined genotypic values, to compare the genetic increase in grain yield and other traits, to select the best wheat genotypes using a multi-trait indices and multivariate statistical methods. Methods: field, determination of vegetation indices using UAV, multiple regression, AMMI, GGE-biplot and REML/BLUP methods. Selection indices were calculated based on a set of traits. Results. There were evaluated 12 varieties and lines of bread winter wheat by grain yield, NDVI index and other characteristics. When using GGE-biplot and AMMI analysis, a comprehensive evaluation of genotypes for productivity and stability was carried out. With application of REML/BLUP analysis, genetic parameters and genotypic values were determined for a number of investigated traits.

On the basis of the obtained data, selection indices were calculated based on a set of traits. The possibility of using spectral vegetation indices obtained from UAVs in breeding process has been established. More accurate identification of genotypes by a set of features is provided by the combined use of multivariate statistical methods, selection indices and NDVI index. The REML/BLUP method in combination with the multivariate AMMI and GGE-biplot methods with the graphical identification of genotypes by the Z index allows to determine the promising set of traits. The Lines LUT 55198 LUT 37519, LUT 60049, LUT 60107 and the cultivars MIP Lada, MIP Dnipryanka were selected for further use in breeding programs. The prospect of further research is to increase the accuracy of assessment and selection of potentially high-yielding and stable wheat lines using remote sensing.

Keywords: *Triticum aestivum* L., genotype, NDVI index, GGE-biplot, REML/BLUP analysis, genetic gain, selection index