ИСПОЛЬЗОВАНИЕ КОМПЬЮТЕРНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ПРИ ПОДБОРЕ РОДИТЕЛЬСКИХ ФОРМ У ПЛОДОВЫХ КУЛЬТУР

Исачкин А.В.
доктор сельскохозяйственных наук, профессор
Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А.Тимирязева
Москва, Россия

Современные всё возрастающие и зачастую меняющиеся требования к сортам плодовых растений требуют для их воплощения существенного повышения эффективности селекционного процесса. Повышение *эффективности селекции* означает увеличение её результативности при условии общего снижения затрат на реализацию всех этапов. Результативность селекции, в конечном счете, оценивается количеством сортов, переданных на государственное сортоиспытание и включенных в государственный реестр. Общий уровень затрат, в целом, соизмерим с объемом исходного материала, количеством испытуемых гибридов и длительностью селекции. На каждом этапе селекции: при создании исходного материала, проведении отбора и, наконец, сортоиспытании - способы оптимизации специфичны и зависят от тех задач, которые решаются в тот или иной момент создания сорта. Кроме того, эти способы во многом определяются специфическими биологическими особенностями объекта селекции, в данном случае - плодовых растений. По-видимому, с общих специфических особенностей плодовых культур как объектов селекции и следует начать обсуждение оптимизации их селекции.

Таких особенностей, по крайней мере три: 1) многолетний ювенильный период и древесная жизненная форма существования; 2) высокая степень самонесовместимости; 3) способность к вегетативному размножению. Эти особенности являются общими для подавляющего большинства плодовых растений.

Многолетний ювенильный период значительно замедляет скорость селекции, увеличивает вероятность гибели ценных генотипов из-за случайных факторов и затраты на уход за селекционными насаждениями. Иными словами, многолетний ювенильный период резко повышает значимость подбора исходных форм для скрещивания, а также усложняет решение проблемы ранней оценки и отбора нужных растений. Анализ ценности комбинации скрещивания проводится у плодовых культур в среднем через 5-10 лет после проведения скрещивания, когда гибридные растения вступают в хозяйственное плодоношение, по частоте возникающих в потомстве положительных трансгрессий. Древесная жизненная форма существования большинства плодовых растений ставит на первое место в селекции, в условиях умеренной климатической зоны, селекцию на зимостойкость, поскольку надземная часть плодовых культур ежегодно испытывает жесткий стресс от низких температур в зимний период.

Самонесовместимость подавляющего большинства плодовых культур позволяет предположить, что, в основном, их сорта и формы гетерозиготны по большинству генов, контролирующих те или иные признаки. Однако прямых доказательств этого нет, поскольку не удаётся получить репрезентативные семьи от самоопыления и оценить в них расщепление, как и не удаётся получить гомозиготные линии. Вследствие этого, при скрещивании любых сортов или форм плодовых культур, а также при проведении свободного опыления в потомстве, как правило, наблюдается сильная изменчивость по всем признакам. Поэтому, у плодовых растений независимо от номера поколения генотипическая изменчивость всегда значительна. Иными словами, номер гибридного поколения у плодовых растений понятие весьма условное. Отсутствие возможности получать и скрещивать линии плодовых между собой явилось основной причиной фактического отсутствия частной генетики плодовых культур, использования традиционных методов гибридологического и генетико-статистического методов анализа наследования признаков.

Высокая способность к вегетативному размножению практически всех плодовых растений полностью снимает проблему закрепления гетерозиса, закрепления и поддержания в живом виде вообще любого генотипа вне зависимости от его половой фертильности, позволяет получать вегетативные клоны неограниченной численности. В связи с этим, у плодовых проводится всегда индивидуальный клоновый отбор. В начале тот или иной ценный генотип, полученный в результате гибридизации или мутагенеза находят и клонируют, а затем проводят стабилизирующий и иногда улучшающий отбор в пределах клонов отобранных генотипов. Поэтому у плодовых культур среднее значение признака по гибридной семье практического значения никакого не имеет, поскольку ценность представляют всегда единичные, а, может быть, и единственные растения в пределах того или иного потомства. В связи с этим, у плодовых растений не имеет смысла, кроме чисто теоретического, изучать комбинационную способность родительских сортов или форм.

Малоэффективность селекции плодовых культур связана с тем, что, во-первых, к моменту основного отбора в потомствах оказывается относительно мало ценных для дальнейшего использования растений, главным образом, из-за ошибок при подборе исходных родительских пар для скрещиваний и, во-вторых, при оценке гибридных сеянцев или мутантов совершается также достаточно много ошибок из-за неверных выводов, основанных на наблюдениях за фенотипами отдельных растений. Ошибки, связанные с неточной оценкой растений при их отборе, выявляются через 5-8 лет при первичном сортоиспытании, либо, ещё позднее при государственном сортоиспытании. Таким образом, ошибки, связанные с неверным подбором родительских пар или с неточной оценкой сеянцев, неизбежно приводят и к снижению эффективности селекционного процесса и к увеличению его продолжительности.

Решать проблемы ускорения и повышения эффективности селекции плодовых культур можно, по крайней мере, тремя путями: технологическим, организационным и аналитическим.

Технологический путь оптимизации основан на совершенствовании агротехнических приёмов выращивания и техники получения гибридных и мутантных растений. *Организационный* путь основан на таком изменении организации селекционного процесса, при котором можно совмещать во времени и пространстве различные этапы селекции, например, первичное и государственное сортоиспытание или селекционную оценку и первичное сортоиспытание. В основе *аналитического* пути лежит совершенствование анализа оценок результатов наблюдений, начиная с сортоизучения коллекций, подбора исходных форм для гибридизации и мутагенеза, оценки и отбора гибридных сеянцев и мутантов на селекционных участках и заканчивая сортоиспытанием плодовых растений.

В данном докладе обсуждаются пути оптимизации подбора родительских форм на основе использования комплекса аналитических методов, главным образом, связанных с применением компьютерных технологий, основанных, прежде всего, на многомерном статистическом анализе.

Проблема анализа результатов наблюдений заключается в том, что помологи, селекционеры и сортоиспытатели ежегодно собирают огромный объём эмпирических данных о морфологических, физиологических и хозяйственных особенностях плодовых растений, но большая часть информации, заключающаяся в этих данных, оказывается в дальнейшем нереализованной, поскольку исследователи чаще всего ограничиваются сравнением лишь средних тенденций по отдельным основным показателям.

При статистическом анализе результатов наблюдений необходимо различать одномерные и многомерные совокупности объектов. В том случае, если объекты в выборке имеют одну количественную или качественную характеристику, выборка является одномерной. Если для каждого объекта в выборке определены значения двух и более переменных, мы имеем дело с многомерной совокупностью. Совершенно очевидно, что при решении большинства селекционных задач приходится иметь дело с многомерными совокупностями.

Для статистического анализа одномерных выборок, как правило используются стандартные биометрические параметры, а также одномерный дисперсионный и корреляционный анализы. Анализ многомерных выборок проводится с использованием методов многомерного статистического анализа: анализа главных компонент, факторного, кластерного, таксономического, множественного и пошагового регрессионного, канонического, дискриминантного и других. Многомерные статистические методы невозможно реализовать без использования компьютерных технологий. На сегодняшний день имеется множество прикладных пакетов программ многомерных статистик. Наиболее известным является интегрированный пакет анализа и управления данными «Statistica» (StatSoft). Данная программа полностью совместима с офисными приложениями Windows что облегчает её применение.

Анализ этих особенностей позволил предложить к обсуждению два принципиальных пути повышения эффективности селекции плодовых культур: 1) повышение частоты возникновения трансгрессивных форм в потомствах; 2) снижение вероятности ошибок при проведении оценок гибридных растений на различных этапах селекции. Общая схема повышения эффективности селекции представлена на рис. 1.

Единственной генетической причиной, объясняющей *частоту возникновения трансгрессий* в потомстве, являются сами генотипы родительских форм. Поэтому подбор родительских форм для скрещиваний является самым важным моментом для селекции, определяющим ее конечные результаты.

Как известно селекционеры при подборе родительских форм руководствуются четырьмя основными принципами: фенотипическим – подбор сортов по их признакам, эколого-географическим – подбор сортов по их эколого-географическому происхождению, генеалогическим – подбор сортов по их генеалогиям, генотипическим – подбор сортов по их генотипам. Наиболее эффективным является подбор родительских пар по их генотипам, но применительно к плодовым культурам вклад этого принципа самый малый, поскольку сведения о генотипах сортов плодовых культур практически отсутствуют. Остальные три принципа широко и успешно используются селекционерами плодовых культур и ведущим среди них остаётся фенотипический принцип, то есть, подбор родительских сортов по их фенотипам.

Поскольку у плодовых растений для достижения тех или иных целей наряду с внутривидовыми очень часто проводятся межвидовые и даже межродовые скрещивания, необходимо различать и критерии подбора родительских форм при проведении внутривидовых и отдаленных скрещиваний.

При проведении *внутривидовых скрещиваний* подбирать родительские пары необходимо таким образом, чтобы: 1) и материнский, и отцовский компоненты скрещивания представляли собой источники тех или иных хозяйственно-ценных признаков, по которым в дальнейшем будет вестись оценка и отбор гибридов; 2) обеспечить максимально возможное генотипическое разнообразие потомства.

Решение первой задачи связано с поиском источников признаков в коллекциях исходных форм. Поскольку у плодовых культур практически невозможно оценивать генотипы по их потомству, единственным способом остаётся детальный анализ структуры фенотипических дисперсий в коллекциях по отдельным признакам (одномерный многофакторный дисперсионный анализ) и по их комплексу (многомерный многофакторный дисперсионный анализ). Основная задача состоит в оценке эффектов генотипа и среды, и их взаимодействия в реализации того или иного признака или комплексов признаков.

Решить вторую задачу: обеспечить максимально возможное генотипическое разнообразие потомства, можно, по-видимому двумя путями: 1) подбирать родительские пары сортов, учитывая их генеалогии, то есть, стремиться подобрать сорта без общих предков (проведенный генеалогический анализ сортов слив показал, что сделать это трудно из-за ограниченного набора сортов-основателей современного мирового сортимента); 2) подби-

рать родительские пары сортов, учитывая их сходство по комплексу признаков, то есть, подбирать сорта, контрастно различающиеся по комплексу признаков.

При подборе исходных пар для *отдалённых скрещиваний* приходиться учитывать: 1) скрещиваемость исходных видов, жизнеспособность и фертильность отдалённых гибридов; 2) закономерности формообразования при тех или иных межвидовых или межродовых комбинациях.

Анализ скрещиваемости видов, относящихся к одному или различным родам плодовых культур, жизнеспособности и фертильности отдалённых гибридов позволяет высказать некоторые предположения о классификации отдалённых скрещиваний на конгруэнтные и инконгруэнтных типы.

При анализе формообразовательного процесса, происходящего при отдалённой гибридизации, полезным может оказаться: 1) знание ядерно-цитоплазматических формул скрещиваемых сортов; 2) анализ сходства отдалённых гибридов с исходными родительскими формами и между собой по комплексу признаков; 3) знание признаков, облегчающих идентификацию отдалённых гибридов различного происхождения.

В данном докладе ограничимся анализом лишь некоторых проблем, связанных с подбором родительских форм у плодовых культур, а именно: 1) отбор источников хозяйственно-ценных признаков при сортоизучении путем анализа структуры изменчивости; 2) генеалогический анализ сортов, полученных от внутривидовых скрещиваний; 3) генеалогический анализ сортов, полученных при отдаленных скрещиваниях, путем определения ядерно-цитоплазматических формул у каждого сорта; 4) оценка информативности признаков при сортоизучении; 5) кластерный и таксономический анализ сортов.

Анализ структуры изменчивости признаков в коллекциях. При изучении образцов коллекций плодовых растений, а также при проведении сортоиспытания образцы оценивают по проявлению у них тех или иных признаков и свойств в течение многих лет наблюдений. Большинство хозяйственно-ценных показателей плодовых растений, таких как урожай плодов с дерева, масса плода, зимостойкость различных частей дерева, устойчивость к болезням и другие, относятся к количественным признакам и характеризуются чрезвычайно широким диапазоном модификационной изменчивости.

Источниками вариации признаков в пределах сорта могут быть: возраст плодового растения, место произрастания (участок, ряд, место посадки), подвой, погодные условия года наблюдения, случайные факторы в пределах кроны. Поскольку методика закладки опытов по сортоизучению и сортоиспытанию предполагает использование одинаковых по возрасту саженцев, с одним и тем же подвоем, этими факторами изменчивости признаков можно в дальнейшем пренебречь.

Таким образом, основными факторами условий среды влияющими на изменчивость признаков в пределах того или иного образца плодового растения, остаются:

- место произрастания растения (повторность, блок);
- растение в пределах одной повторности (блока);
- год наблюдения;
- случайная вариация в пределах растения.

Тогда структура фенотипической дисперсии признака (δ^2_{ph}) в пределах коллекции образцов будет следующей:

$$\delta^2_{ph}=\delta^2_g+\delta^2_{e1}+\delta^2_{e2}+\delta^2_{e3}+\delta^2_{ge1}+\delta^2_{ge2}+\delta^2_{ge3}+\delta^2_{e1e2}+\delta^2_{e1e3}+\delta^2_{e2e3}+\delta^2_{ge1e2}+\delta^2_{ge1e3}+\delta^2_{ge2e3}+\delta^2_{e1e2e3}+\delta^2_{ge1e2e3}+\delta^2_z$$

где: δ^2_g - генотипическая варианса, обусловленная различиями генотипов изучаемых образцов;

δ^2_{e1}, δ^2_{e2}, δ^2_{e3} - паратипические вариансы, обусловленные различиями места произрастания изучаемых образцов (повторностей или блоков) на участке, в

пределах повторности (отдельное дерево) и погодными условиями года наблюдений соответственно;

δ^2_{ge1}, δ^2_{ge2}, δ^2_{ge3} - вариансы взаимодействия «генотип х среда»: «генотип х повторность», «генотип х дерево», «генотип х год»;

δ^2_{e1e2}, δ^2_{e1e3}, δ^2_{e2e3} - вариансы взаимодействия факторов среды: «повторность х дерево», «повторность х год», «дерево х год»;

δ^2_{ge1e2}, δ^2_{ge1e3}, δ^2_{ge2e3} - вариансы взаимодействия «генотип х среда»: «генотип х повторность х дерево», «генотип х повторность х год», «генотип х дерево х год»;

δ^2_{e1e2e3} - варианса взаимодействия трех факторов среды: «повторность х дерево х год»;

$\delta^2_{ge1e2e3}$- варианса взаимодействия: «генотип х повторность х дерево х год»;

δ^2_z - паратипическая варианса случайных факторов в пределах кроны плодового растения.

Для оценки указанных 16 компонентов фенотипической дисперсии признака необходимо соблюдение следующих условий проведения наблюдений и учётов :

1. деревья каждого образца должны произрастать не менее чем в 2-3 разных местах участка - повторностях (для оценки δ^2_{e1}, δ^2_{ge1}, δ^2_{e1e2}, δ^2_{e1e3}, δ^2_{ge1e2}, δ^2_{ge1e3}, δ^2_{e1e2e3}, $\delta^2_{ge1e2e3}$);
2. в каждой повторности должно быть по 3-5 деревьев (для оценки δ^2_{e2}, δ^2_{ge2}, δ^2_{e1e2}, δ^2_{e2e3}, δ^2_{ge1e2}, δ^2_{ge2e3}, δ^2_{e1e2e3}, $\delta^2_{ge1e2e3}$);
3. учёты по каждому растению всех образцов необходимо проводить не менее чем 3-5 лет (для оценки δ^2_{e3}, δ^2_{ge3}, δ^2_{e1e3}, δ^2_{e2e3}, δ^2_{ge1e3}, δ^2_{ge2e3}, δ^2_{e1e2e3}, $\delta^2_{ge1e2e3}$);
4. в пределах каждого растения необходимо учитывать случайную вариацию признака не менее чем по 3-5 наблюдениям (для оценки δ^2_z).

Только располагая сведениями о всех компонентах вариации, в которых участвуют факторы среды (15 из 16 компонентов), можно достоверно оценить различия изучаемых образцов по генотипу (δ^2_g), что и является главной задачей на этапе подбора родительских форм для гибридизации или мутагенеза, либо для оценки сортов при их сортоиспытании.

Следует отметить, что не по всем признакам плодовых растений можно провести оценку перечисленных выше компонентов, в частности, это невозможно сделать по признакам с неизвестной случайной вариацией в кроне: величине урожая с дерева, степени подмерзания штамба, датам наступления фенофаз и другим. Следовательно, при изучении их структуры изменчивости случайная вариация будет оцениваться по вариации в пределах повторности, что позволит оценить только 8 компонент фенотипической дисперсии:

$\delta^2_{ph} = \delta^2_g+\delta^2_{e1}+\delta^2_{e3}+\delta^2_{ge1}+\delta^2_{ge3}+\delta^2_{e1e3}+\delta^2_{ge1e3}+\delta^2_z$

Согласно стандартным методам сортоизучения и первичного сортоиспытания косточковых плодовых культур, образцы на участках размещают рендомизировано и одним блоком. В связи с этим, невозможно оценить влияния места произрастания (повторности, блока) на изменчивость признаков. Следовательно формулы фенотипической дисперсии приобретают вид:

$\delta^2_{ph} = \delta^2_g+\delta^2_{e2}+\delta^2_{e3}+\delta^2_{ge2}+\delta^2_{ge3}+\delta^2_{e2e3}+\delta^2_{ge2e3}+\delta^2_z$, для признаков с известной вариацией в кроне;

$\delta^2_{ph} = \delta^2_g+\delta^2_{e3}+\delta^2_{ge3}+\delta^2_z$, для признаков с неизвестной вариацией в кроне.

Сравнение выше приведенных формул вычисления фенотипических дисперсий показывает насколько важно для достоверной оценки генотипической вариансы учитывать изменчивость признаков между и в пределах повторностей, а также внутри кроны.

В качестве примера приведем результаты дисперсионного анализа данных об изменчивости массы плода у 10 сортов сливы домашней. Наблюдения проводили в течение трех лет подряд на участке первичного сортоиспытания. Была сформирована случайная выборка из различных 10 сортов. По каждому сорту наблюдали 9 деревьев, произрастающих на

одном участке в трех разных местах: по 3 дерева в каждом месте. В кроне каждого дерева случайно выбирали по 5 типичных плодов среднего размера, и у каждого определяли массу (г). Таким образом, ежегодно по каждому сорту делали 45 измерений массы плода, что за три года составило 135 наблюдений.

Четырехфакторный дисперсионный анализ показал (табл.1), что практически все факторы (за исключением вариации деревьев в пределах повторности) и их взаимодействия достоверно влияют на изменчивость массы плода. Основное влияние оказывают генотипы сортов (доля влияния 61,8%), взаимодействие «сорт х год» (доля влияния 22,5%), взаимодействие «сорт х год х повторность» (доля влияния 6,5%) и случайная вариация в кроне дерева (доля влияния 3,3%). Влияние остальных факторов и взаимодействий слабое. Наименьшая существенная разность при сравнении сортов составила 0,82 г.

Для того, чтобы определить как будут меняться оцениваемые параметры дисперсионного анализа при изменении учета источников вариации, были искусственно сформированы еще три дисперсионных комплекса на основе четырехфакторного: трехфакторный (по всем сортам были исключены две из трех повторностей), двухфакторный (кроме исключения двух из трех повторностей, исключили наблюдения двух из трех деревьев) со случайной изменчивостью в кроне и двухфакторный той же структуры, но наблюдения представляли собой средние значения по сорту (исключалась изменчивость в кроне дерева).

Трехфакторный анализ показал также основную долю влияния генотипа сорта на изменчивость массы плода (69,7%), взаимодействия «сорт х год» (22,6%) и вариации массы в кроне дерева (3,4%). Наименьшая существенная разность между сортами увеличилась в 1,8 раза (1,44 г. против 0,82 г.). Двухфакторный анализ, где была учтена вариация в кроне показал сходные результаты: влияние сорта - 63,1%, взаимодействия «сорт х год» - 33,5% и изменчивость в кроне - 3,0%. Наименьшая существенная разность составила 2,4 г., что в 1,7 раза больше чем при трехфакторном анализе и в 3 раза больше чем при четырехфакторном анализе. И, наконец, двухфакторный анализ, где не была учтена вариация в кроне, показал долю влияния сорта 60,7% и случайной вариации (взаимодействие «сорт х год» и ошибка) - 39,3%. Наименьшая существенная разность между средними составила 11,2 г., что в 4,7 раза больше, чем при двухфакторном анализе с учетом вариации в кроне, в 7,8 раза больше, чем при трехфакторном анализе и в 13,7 раза больше чем, при четырехфакторном анализе.

Следует отметить, что в селекционной практике наиболее часто используются двухфакторные опыты, причем в большинстве случаем сведения об изменчивости признака в кроне отсутствуют. Это приводит к резкому увеличению ошибки групповых средних и НСР. Иными словами, нет возможности установить разницу между сортами, которая, в действительности, имеется. Из табл. 1 также следует, что при проведении детальных исследований структуры изменчивости необходимо учитывать вариацию признаков не только в кроне дерева, но и среди деревьев в пределах повторности и между повторностями. Рекогносцировочная же оценка образцов коллекции и гибридов в селекционном саду может быть основана целиком на вариации признака в кроне дерева.

Таким образом, для повышения надёжности оценок при сортоизучении и сортоиспытании рекомендуется всегда иметь на участке минимум 3 повторности (блока) рендомизированных по месту произрастания, по 3-5 деревьев в каждой повторности (блоке). Данная схема закладки опытных участков используется только при государственном сортоиспытании плодовых культур. Мы же рекомендуем её использовать, начиная с закладки коллекций для сортоизучения и вплоть до первичного сортоиспытания. Это резко снизит частоту ошибочных оценок коллекционных образцов и кандидатов в сорта по основным хозяйственным показателям - урожайности, зимостойкости, устойчивости к болезням и другим. Данная рекомендация ранее уже высказывалась Е.Н.Седовым, при разработке схем ускорения селекционного процесса у яблони, а также другими авторами.

Генеалогический анализ сортов. Основу для вычислений коэффициентов родства между выбранными для скрещивания сортами имеют, как известно, их родословные. Для количественной оценки генетического сходства сортов по их генеалогиям используется коэффициент родства С.Райта. Поскольку у подавляющего большинства сортов плодовых культур коэффициент инбридинга близок к нулю формула для вычисления коэффициента родства приобретает следующий вид:

$R_{ij}= \Sigma(0,5^{nk+nk'})$

где: R_{ij}- коэффициент родства Райта;

n_k - число скрещиваний в k-м пути от i-го сорта до общего предка;

$n_{k'}$- число скрещиваний в k-м пути от j-го сорта до общего предка;

k - число общих предков;

Данная формула относительно проста и легко программируется в офисном приложении Excel. В качестве примера рассмотрим результаты анализа сведений о генеалогиях 2629 сортов и элитных формах слив. Было установлено, что 1050 сортов слив являются местными сортами народной селекции и происхождение у них установить невозможно, 1579 сортов слив возникли в результате использования селекционных методов теми или иными авторами, однако и среди них у 354 точное происхождение установить пока не удалось. Таким образом, выявлены 1225 сортов слив с известным происхождением

У большинства сортов слив (647 образцов или 52,8 %) известны 1-2 исходные формы. Это означает, что они получены, либо от свободного опыления какого-либо определённого материнского сорта неизвестного происхождения, либо от искусственного скрещивания сортов неизвестного происхождения.

Вторую по численности группу составляют сорта, у которых установлены 2-6 исходных формы (399 образцов или 32,6 %), то есть, у них оказалось возможным установить не только сортовую принадлежность материнской и отцовской форм, но и сорта прародителей. У многих сортов этой группы известны лишь сорта по материнской линии.

Третью по численности группу составляют сорта, у которых удалось выяснить 3-14 исходных форм, то есть, расшифровать генеалогию до прапрародителей (118 сортов или 9,6 %). Следует также отметить, что у большинства сортов этой группы известны лишь предки по материнской линии (сорт материнской формы, сорт бабушки матери и сорт прабабушки матери).

Четвертую по численности группу составили сорта, у которых выяснили 4-30 исходных форм, то есть установили генеалогию до прапрапрародителей (29 образцов или 2,4 %). Также как и в предыдущих группах у этих сортов чаще известны лишь материнские формы, поскольку использовалось свободное опыление.

Сведения о происхождении тех или иных сортов необходимы для расчета коэффициентов родства между ними, варьирующих от 0 в случае отсутствия общих предков и до 0,5 в случае совпадения обеих родительских форм, например, у сибсов. В селекционной практике многих культур (пшеница, рожь, ячмень) учет коэффициентов родства между основными сортами достаточно широко применяется при планировании скрещиваний. С увеличением значения коэффициента родства между родительскими сортами растет вероятность образования гомозиготных форм в их потомстве. В ряде случаев это совпадает с целью селекции, но чаще, в качестве родительских стараются подобрать сорта, не имеющие общих предков. Это в полной мере относится и к плодовым культурам.

Из литературных источников удалось установить генеалогии у 515 сортов сливы домашней, среди них 23 сорта получены в результате клоновой селекции и 492 сорта - в результате гибридизации. Из 492 сортов 234 сорта получены от свободного опыления исходных сортов и 258 сортов в результате проведения искусственных скрещиваний. Проанализированные 492 сорта получены от опыления 120 различных сортов, которые использовались в качестве материнских компонентов скрещивания, а от использования пыльцы, всего лишь, 38 отцовских сортов. Из этого следует, что большинство сортов сли-

вы домашней имеют общих предков среди родительских форм, особенно среди отцов, то есть, являются сибсами и полусибсами. Отметим, что всего установлено 135 сортов, которые были использованы для создания всего проанализированного сортимента,

Так, например, показано, что наиболее часто используемыми в качестве материнских сортов являются: Ренклод зеленый (42 сорта), Скороспелка красная (33 сорта), Очаковская желтая (29 сортов), Ренклод Альтана (27 сортов) и Изюм-Эрик (27 сортов).

Среди отцовских компонентов скрещивания наиболее популярными оказались сорта: Исполинская (21 сорт), Ренклод зеленый и Скороспелка красная (15 сортов), Венгерка итальянская и Ранняя синяя (14 сортов).

Генеалогический анализ отдаленных сортов - отдаленных гибридов. При отдалённой гибридизации особый интерес представляет анализ генеалогий сортов-гибридов, с точки зрения, подсчета средних долей генетической информации тех или иных исходных видов и определения видовой принадлежности цитоплазмы у различных сортов. Приведем в качестве примера анализ генеалогий сортов диплоидных слив, полученных в результате отдаленной гибридизации.

Средние доли генетической информации различных видов и видовая принадлежность цитоплазмы отражаются в ядерно-цитоплазматической формуле сорта, в которой в квадратных скобках указывается видовая принадлежность цитоплазмы, в круглых скобках - усредненные доли видов тех или иных видов. Такие формулы оказались очень удобными для классификации сортов слив по их происхождению. На рис.2, в качестве примера, приведена генеалогия и ядерно-цитоплазматические формулы сорта гибридной алычи Кубанская комета и всех её предков.

Поясним использованные в генеалогии обозначения. Сорт Скороплодная, являющийся материнским сортом для Кубанской Кометы, получен в результате опыления сорта типичной сливы китайский Climax пыльцой сорта сливы уссурийской «Уссурийская красная». Генеалогии сортов Climax и Уссурийская красная неизвестны. Сорт Climax характеризуется ядерно-цитоплазматической формулой $[S_t](1,0)S_t$, которая показывает, что цитоплазма у этого сорта $[S_t]$ унаследована от типичной сливы китайской (P.salicina), а ядерные гены относятся с типичной сливе китайской $](1,0)S_t$. Сорт Уссурийская красная имеет ядерно-цитоплазматическую формулу $[S_u](1,0)S_u$, которая отличается от предыдущей только тем, что цитоплазма $[S_u]$ и ядерные гены $(1,0)S_u$ унаследованы от сливы уссурийской, являющейся подвидом сливы китайской (P.salicina ssp.ussuriensis). Отсюда становится понятной ядерно-цитоплазматическая формула сорта китайско-уссурийской сливы Скороплодная $[S_t](0,5)S_t](0,5)S_u$: цитоплазма унаследована по материнской линии от сорта Climax $[S_t]$, а в ядре половина генов происходит от типичной сливы китайской, половина – от сливы уссурийской $](0,5)S_t](0,5)S_u$. Следует обратить внимание, что сумма долей генов в ядре всегда должна составлять единицу. Сорт Пионерка является типичной алычей и имеет поэтому ядерно-цитоплазматическую формулу [C](1,0)C. И наконец, разберем ядерно-цитоплазматическую формулу Кубанской Кометы: $[S_t](0,25S_t)(0,25S_u)(0,5)C$. Тип цитоплазмы $[S_t]$ унаследован по материнской линии от сливы китайской Climax. Поскольку в мейозе, в анафазе I у сорта Скороплодная хромосомы расходятся независимо друг от друга, геномный состав яйцеклеток, которые образуются у сорта Скороплодная будет варьировать от полностью типично китайских до полностью уссурийских, но в среднем половина генов будет унаследована от сливы китайской, половина от сливы уссурийской, что соответствует формуле $(0,25S_t)(0,25S_u)$. Спермии, образованные сортом Пионерка будут иметь геном алычи (0,5)C.

Такие формулы были установлены для 425 сортов диплоидных слив, полученных в результате межвидовой и межродовой гибридизации. Анализ этих формул позволил выявить 88 различных групп сортов, объединенных в 13 типов. Основанием для выделения группы является единообразие по ядерно-цитоплазматическим формулам сортов, входящим в группу. Основанием для объединения групп в тип - общность по межвидовой или

межродовой комбинации скрещивания исходных предков сорта. В пределах каждого типа, выделяются также подтипы по общности видовой принадлежности цитоплазмы.

Предложенная классификация гибридных сортов диплоидных слив поможет селекционерам более точно подбирать родительские формы для проведения скрещиваний, учитывая их происхождение, а именно: видовую принадлежность цитоплазмы и доли тех или иных видов, участвовавших в происхождении сортов. В частности, это информация может оказаться полезной при прогнозировании ядерно-цитоплазматической несовместимости, нередко проявляющейся при межвидовой и межродовой гибридизации.

Оценка информативности признаков. Для анализа сходства сортов по комплексу признаков рекомендуется использовать кластерный анализ по информативным признакам, выявленных на основе метода главных компонент или факторного анализа. Комплексом информативных признаков называют набор не коррелируюших друг с другом признаков, наилучшим образом описывающих изменчивость той или иной совокупности объектов, в многомерном признаковом пространстве.

Анализ главных компонент является одним из методов анализа структуры зависимости между переменными $x_1 \quad x_p$, которая измеряется дисперсиями и корреляциями между ними. Главными компонентами ($y_1 \quad y_q$) называются линейные комбинации переменных, следующего вида:

$$y_i = a_{i1}x_1 + a_{i2}x_2 + a_{i3}x_3 + \quad + a_{ij}x_j + \quad + a_{qp}x_p$$

Метод главных компонент состоит в определении коэффициентов «a_{ij}», которые соответствуют вкладам различных переменных в главные компоненты. Таким образом, получается сжатое описание структуры зависимости исходных переменных, несущее почти всю информацию, содержащуюся в самих переменных. Очевидно, что количество главных компонент равно количеству переменных. Первой главной компонентой переменных называется та линейная комбинация, которая объясняет максимум общей дисперсии, остальные главные компоненты ранжируются по мере уменьшения описываемых ими общих дисперсий. Основным условием поиска этих компонент является их взаимная некоррелированность.

Факторный анализ также изучает структуру зависимости между переменными, но, в отличие от модели главных компонент, дисперсия каждой исходной переменной делится на две части: дисперсию, обусловленную наличием общих факторов (общность), и дисперсию, обусловленную вариацией каждой исходной переменной (специфичность). Техника факторного анализа направлена на оценку факторных нагрузок и специфических дисперсий, а также на определение для каждого объекта значений общих факторов. После того как факторные нагрузки найдены, используется метод вращения факторов для «наилучшей» интерпретации общих факторов. Число первых общих факторов определяется по максимуму описываемой ими дисперсии. Факторные нагрузки представляют собой коэффициенты корреляции между соответствующим признаком и фактором.

Метод главных компонент и факторный анализ используется для поиска корреляционных плеяд и информативных признаков, то есть, для уменьшения количества признаков, по которым проводится описание той или иной группы сортов, без потери информации, что весьма полезно при решении многих селекционных и генетических задач.

Наши исследования показывают, что наиболее удобным для выявления корреляционных плеяд признаков является факторный анализ с использованием оценок факторных нагрузок методом квадрата множественного коэффициента регрессии, либо центроидным методом и вращением факторов по методу Varimax raw.

В качестве примера приведем результаты факторного анализа 34 сортов и форм диплоидных видов слив. Каждый сорт описывали по комплексу 55 признаков (23 признакам вегетативных частей и 32 признакам плода и косточки). Описание всех сортов проводили в течение одного года в саду ТСХА, для нивелировки влияния условий года наблюдения на изменчивость признаков. Все сорта и формы произрастали в одинаковых условиях, деревья выращены на одном и том же подвое, возраст деревьев был один и тот же (посадка

была проведена весной 1983 года). В табл. 3 представлен список признаков, по которым проводили описание и их кодировка для проведения факторного анализа. В данном сообщении ограничимся результатами факторного анализа только по вегетативным признакам дерева, побега и листа.

В табл. 4 представлены факторные нагрузки 23 признаков вегетативных частей (дерево, побег, лист) первых 6 факторов. Из чего следует, что основную нагрузку в первом факторе параметров вегетативных частей имеют признаки, отражающие размеры и форму листа и побега: «Var2» (ширина листовой пластинки), «Var1» (длина листовой пластинки), «Var3» (расстояние от основания листа до его максимальной ширины), «Var5» (толщина черешка), «Var7» (индекс яйцевидности листа), «Var14» (толщина листа), «Var17» (толщина побега), «Var18» (длина междоузлий). Соответственно во втором факторе - признаки размеров черешка и опушение побега (Var4, Var8, Var19), в третьем факторе - признаки дерева, длины прироста и индекса округлости листа (Var22, Var23, Var16, Var6 соответственно), в четвертом факторе - признаки опушение нижней стороны листа и черешка, степени блеска листа, типа зазубренности края (Var9, Var11, Var13, Var15 соответственно), в пятом факторе - окраска листа (Var12), в шестом факторе - опушение верхней стороны листа (Var10). Оставшиеся признаки чечевичек (Var20, Var21), по-видимому, имеют значимые нагрузки в последующих 17 факторах.

На рис. 3 представлено распределение признаков вегетативных частей в пространстве первых двух факторов, то есть, на плоскости для облегчения выявления корреляционных плеяд признаков. В результате установлены, по крайней мере, 4 плеяды признаков: 1) Var1-2-3-5-17: длина листа, ширина листа, расстояние от основания до ширины, толщина черешка, толщина побега; 2) Var14-18: толщина листа, длина междоузлий; 3) Var6-11-15: индекс округлости листа, опушение черешка, тип зазубренности края; 4) Var10-12-16-23: опушение верхней стороны листа, окраска листа, длина побега, сила роста дерева (в эту плеяду, вероятно, можно включить Var9 - опушение нижней стороны листа и Var22 - количество колючек на дереве). Остальные 7 признаков можно считать ортогональными, то есть, не коррелирующими ни между собой, ни с другими признаками. В каждой из установленных плеяд можно найти наиболее значимый признак по общей сумме нагрузок во всех факторах. Так в первой плеяде таковым является - Var2 (ширина листа), во второй - Var18 (длина междоузлий), в третьей -Var6 (индекс округлости листа); в четвертой - Var16 (длина побега). Таким образом комплекс информативных признаков у 34 сортов диплоидных слив составили: ширина листа, длина черешка, индекс округлости листа, индекс яйцевидности листа, индекс длины черешка, блеск листа, длина побега, длина междоузлий, опушение побега, количество чечевичек, размер чечевичек (всего 11 признаков). Остальные 12 признаков коррелируют с перечисленными 11 признаками и не добавляют значимой информации.

Установленный комплекс признаков рекомендуется использовать при описании сортов в коллекциях. Анализ состава корреляционных плеяд признаков представляет самостоятельный интерес для каждой изучаемой выборки сортов, поскольку имеет важное значение для познания закономерностей формообразования и морфогенеза у того или иного вида растений.

Кластерный и таксономический анализы. Необходимость классификации образцов плодовых культур различного селекционного статуса (дикорастущие формы, местные сорта, селекционные сорта, отдаленные гибриды, соматические мутанты) возникает весьма часто: при решении чисто таксономических задач (классификации в пределах рода или вида); при установлении помологических групп сортов, сортотипов; при разработке схемы скрещиваний.

Последнее направление напрямую связано с селекционными проблемами, хотя и наиболее спорно. Исследования многих авторов были посвящены разработке этого вопроса: Астахов А.И., Букарчук В.Ф., Перфильев В.Е., Бутенко А.И., Лебедев А.В., Григорьева А.Ф., Тихонов В.А., Blaha L., Martinek V., P.Sneath. Основой этих исследований является

постулат о том, что мерой генотипического сходства или различия организмов является их фенотипическое сходство или различие по достаточно большому комплексу признаков. Поскольку селекционеры плодовых культур чаще стремятся подобрать генотипически различающиеся сорта для скрещиваний, чтобы получить разнообразное по выражению признаков потомство, им следует подбирать такие родительские пары сортов, которые будут различаться по выражению максимального количества фенотипических признаков. Спорным остаётся лишь допущение о том, что комплекс фенотипических признаков действительно оценивает меру генотипического сходства или различия.

Для классификации используют различные методы многомерной статистики, но главным образом, кластерный и таксономический анализы.

Кластерный анализ или классификация - это упорядочение объектов по их сходству. Объекты, подлежащие классификации, объединяются в кластеры - группы с меньшей внутригрупповой изменчивостью признаков по сравнению с изменчивостью в совокупности. Для кластеризации объектов вычисляются, как правило, евклидовы расстояния между объектами во всех парных сочетаниях по методу Варда.

С той же целью, но для качественных признаков, используется таксономический анализ Е.С.Смирнова. Таксономические отношения рассчитываются также для всех возможных парных сочетаний объектов. Все признаки оцениваются в номинальной шкале. При расчете таксономических отношений учитываются совпадения не только по присутствию модальности признака у сравниваемой пары объектов, но и по её отсутствию. Отличительной особенностью таксономического анализа Е.С.Смирнова является то, что проявления признаков (их модальности) имеют разные веса, обратно пропорциональные частоте их встречаемости в изучаемой выборке. То есть, совпадению по редким (оригинальным) модальностям признаков придаётся большее значение, чем совпадению по часто встречающимся (банальным) модальностям признаков. Всякому несовпадению по модальностям признаков приписывается одинаковый вес равный «-1». Кроме того, для каждого объекта вычисляются коэффициенты оригинальности, равные сумме весов по отсутствию и присутствию модальностей всех признаков. Сравнение сортов по коэффициентам оригинальности позволяет ранжировать анализируемые сорта по мере убывания оригинальности их морфотипов, а значит дает возможность селекционерам подбирать родительские пары, которые сочетают редкие модальности признаков в изученной выборке.

Для преобразования матрицы евклидовых, таксономических или иных отношений в кластеры используются иерархические (дендрограммы) и неиерархические (дендриты) кластер-процедуры. Корректность выделения кластеров проверяли сопоставлением средних внутри- и межкластерных таксономических отношений.

Наиболее эффективным является кластерный анализ, основным результатом которого является получение матрицы евклидовых расстояний между всеми объектами, рассчитанными по большому комплексу морфологических признаков.

Для обсуждения используем результаты кластерного анализа двух выборок сортов слив: 54 сортов сливы домашней и 34 сортов диплоидных слив. В каждой выборке были выделены 10 кластеров сортов, состав кластеров представлены в табл.5.

В табл. 6 и 7 представлены евклидовы расстояния между кластерами сортов сливы домашней и диплоидных слив соотвественно, которые показывают, что степень различий между кластерами очень сильно варьирует. Так «кластер 1» (табл.6) значительно отличается от кластеров 10, 9, 6 и 8; но сходен с кластерами 2, 3, 5, 7 и 4. Подобные сравнения можно провести по каждому из выделенных кластеров. Представляет большой интерес изучить связь между евклидовыми расстояниями и коэффициентами родства в группе сортов сливы домашней, а также связь между евклидовыми расстояниями и ядерно-цитоплазматическими формулами в группе сортов диплоидных слив. Для этого составили матрицы коэффициентов родства сортов сливы домашней в пределах каждого кластера, из их анализа следует, что, явной связи между принадлежностью сортов к одному кластеру и коэффициентами родства между ними не обнаружено. То есть, различие или сходство ге-

неалогий сортов сливы домашней еще ничего не говорит о различие или сходстве сортов по фенотипу. Безусловно, данный вопрос требует дополнительных исследований.

В табл. 8 приведены сведения о ядерно-цитоплазматических формулах сортов диплоидных слив в пределах каждого кластера. Наблюдается значительное сходство между ядерно-цитоплазматическими формулами сортов, которые входят в один кластер. Так первые три кластера и кластер 7 составляют, в основном, сорта сливы китайской, остальные кластеры - сорта алычи типичной и их гибриды со сливой китайской. Иными словами, сходство сортов диплоидных слив по комплексу фенотипических признаков, в определённой мере, позволяет судить и об их геномном составе.

Результаты кластерного анализа, главным образом, необходимо использовать для подбора родительских пар для скрещиваний. Так, например, следует подбирать те пары сортов, между которыми имеется минимальное сходство или подбирать сорта из разных кластеров, учитывая длину межкластерных расстояний. В частности, наиболее перспективными можно считать скрещивания между сортами сливы домашней, входящим в следующие кластеры: «сорта кластера 1» х «сорта кластера 10»; «сорта кластера 2» х «сорта кластера 10»; «сорта кластера 3» х «сорта кластера 6»; «сорта кластера 4» х «сорта кластера 9» и т.д. Наибольшие морфологические различия установлены между сортами кластеров 8 и 9 и сортом Ренклод северный.

Выводы.

1. Многомерный статистический анализ плодовых растений по комплексу признаков может служить основой для поиска источников хозяйственно-ценных признаков в коллекциях и классификации образцов по информативным признакам оптимизирующих процесс подбора родительских форм для скрещиваний.

2. Решение вопроса о том является тот или иной сорт коллекции источником хозяйственно-ценного признака (или признаков) должно быть обосновано детальной оценкой всех поддающихся анализу источников вариации методами дисперсионного анализа при использовании одномерной или многомерной моделей. При оценке исходных форм и гибридов по хозяйственно-ценным признакам непременно следует учитывать эффекты взаимодействия «генотип-год» и случайную вариацию в кроне или клоне в зависимости от анализируемого признака.

3. Родословные сортов плодовых культур позволяют рассчитать коэффициенты родства во всех возможных парных сочетаниях и учесть этот показатель при подборе сортов для скрещиваний.

4. При отдалённой гибридизации плодовых культур рекомендуется учитывать ядерно-цитоплазматические формулы исходных сортов и степень филогенетической близости скрещиваемых форм, в зависимости от этого выбирать оптимальный уровень плоидности, объемы опыления, размер гибридных семей, способы получения второго и последующих поколений с учетом жизнеспособности и фертильности гибридов, явлений ядерно-цитоплазматической несовместимости.

5. Для выявления комплекса информативных признаков рекомендуется использовать факторный анализ, результаты которого позволяют детально изучить корреляционные связи между признаками, определить достоверно существующие корреляционные плеяды признаков, выявить сортоспецифические и видоспецифические зависимости между признаками и, в конечном счете, повысить значимость описаний образцов коллекций по оптимальному списку признаков.

6. Кластерный и таксономический анализы по информативным признакам позволяют количественно точно оценить сходство между сортами и на основании этого более точно подбирать контрастные по фенотипу родительские пары пар для скрещиваний.

Табл. 1

Результаты дисперсионного анализа данных об изменчивости массы плода 10 сортов сливы при учете различных источников вариации

Источник вариации	*df*	*ms*	*F*	d^2	p_{in} %	$НСР_{05}$
Двухфакторный опыт: сорт х год, случайная вариация - изменчивость взаимодействий сорт х год (N = 30)						
Сорт	9	243,4	*5,64	66,7	60,7	11,2
Год	2	6,2	0,14	0,0	0,0	
Случайная	18	43,2		43,2	39,3	
Двухфакторный опыт: сорт х год, случайная вариация - изменчивость в кроне дерева (N = 150)						
Сорт	9	1217,2	*317,80	80,9	63,1	2,4
Год	2	30,8	*8,04	0,54	0,4	
Сорт х год	18	215,9	*56,38	43,0	33,5	
Случайная	120	3,8		3,8	3,0	
Трехфакторный опыт: сорт х год х дерево, случайная вариация - изменчивость в кроне дерева (N = 450)						
Сорт	9	3909,8	*921,63	86,8	69,7	1,44
Год	2	290,2	*68,42	1,9	1,5	
Дерево	2	4,4	1.04	0,1	0,0	
Сорт х год	18	426,5	*100,55	28,2	22,6	
Дерево х год	4	20,5	*4,82	0,3	0,3	
Сорт х дерево	18	17,9	*4,21	0,9	0,7	
Сорт х год х дерево	36	14,8	*3,49	2,1	1,7	
Случайная	360	4,2		4,2	3,4	
Четырехфакторный опыт: сорт х год х повторность х дерево, случайная вариация - изменчивость в кроне (N = 1350)						
Сорт	9	10220,5	*2468,71	75,7	61,8	0,82
Год	2	413,2	*99,81	0,6	0,5	
Дерево	2	3.5	0,84	0,0	0,0	
Повторность	2	445,4	*107,59	1,0	0,8	
Сорт х год	18	1246,5	*301,08	27,6	22,5	
Сорт х дерево	18	18,8	*4,54	0,3	0,2	
Сорт х повторность	18	73,0	*17,64	1,5	1,2	
Год х дерево	4	24,0	*5,80	0,1	0,1	
Год х повторность	4	50,7	*12,24	0,3	0,2	
Дерево х повторность	4	17,9	*4,31	0,1	0,1	
Сорт х год х дерево	36	10,4	*2,52	0,4	0,3	
Сорт х дерево х повторность	36	14,6	*3,52	0,7	0,6	
Сорт х год х повторность	36	124,1	*29,97	8,0	6,5	
Год х дерево х повторность	8	8,1	*1,96	0,1	0,1	
Сорт х год х дерево х повторность	72	13,4	*3,24	1,9	1,6	
Случайная	1080	4,1		4,1	3,3	

Табл. 2.

Сведения о родословных сортов слив

Вид	*известны 1-2 исх. формы*	*известны 2-4 исх. формы*	*известны 3-8 исх. формы*	*известны 4-16 исх. формы*	*получ. в результ. клон. сел.*	*происх. не установл.*	*ВСЕГО*
Prunus salicina	112	34	9	0	9	43	207
Prunus americana	52	44	6	0	0	0	102
Prunus cerasifera	58	0	0	0	0	99	157
P.salicina x P. americana	67	18	1	0	0	0	86
P.salicina x P.cerasifera	96	46	3	0	0	0	145
P.americana x P.cerasifera	6	2	0	0	0	0	8
P.brigantiaca x P.cerasifera	2	3	0	0	0	0	5
(P.salicina x P.americana) x P.cerasifera	0	13	31	8	0	0	52
Microcerasus pumila x P. salicina	22	40	12	0	0	0	74
ИТОГО ДИПЛОДНЫХ СЛИВ	416	201	62	8	9	142	838
Prunus domestica	231	198	56	21	23	212	741
ВСЕГО СЛИВ	**647**	**399**	**118**	**29**	**32**	**354**	**1579**

Табл. 3

Список морфологических признаков листа и плода для факторного анализа

Код	*Признак*	*Код*	*Признак*
VAR1	Длина листа (мм)	VAR29	Индекс формы плода -2
VAR2	Ширина листа (мм)	VAR30	Индекс формы плода -3
VAR3	Расстояние от основ.до ширины (мм)	VAR31	Длина плодоножки (мм)
VAR4	Длина черешка (мм)	VAR32	Толщина плодоножки (мм)
VAR5	Толщина черешка (мм)	VAR33	Окраска кожицы плода
VAR6	Индекс округлости листа	VAR34	Форма плода
VAR7	Индекс яйцевидности листа	VAR35	Выраженность бокового шва
VAR8	Индекс длины черешка	VAR36	Форма вершины плода
VAR9	Опушение нижней стороны листа	VAR37	Форма воронки плода
VAR10	Опушение верхней стороны листа	VAR38	Восковой налет
VAR11	Опушение черешка	VAR39	Окраска мякоти
VAR12	Окраска верхней стороны листа	VAR40	Плотность мякоти
VAR13	Блеск листа	VAR41	Кислотность мякоти
VAR14	Толщина листа	VAR42	Сахаристость мякоти
VAR15	Тип зазубренности края листа	VAR43	Отделяемость косточки от мякоти
VAR16	Длина побега (мм)	VAR44	Высота косточки (мм)
VAR17	Толщина средней части побега (мм)	VAR45	Ширина косточки (мм)
VAR18	Длина междоузлия (мм)	VAR46	Толщина косточки (мм)
VAR19	Опушение побега	VAR47	Индекс формы косточки -1
VAR20	Количество чечевичек на побеге	VAR48	Индекс формы косточки -2
VAR21	Размер чечевичек на побеге	VAR49	Индекс формы косточки - 3
VAR22	Количество колючек на дереве	VAR50	Окраска косточки
VAR23	Сила роста дерева	VAR51	Форма косточки
VAR24	Масса плода (г)	VAR52	Выраженность центр. ребра
VAR25	Высота плода (мм)	VAR53	Выраженность бокового ребра
VAR26	Ширины плода (мм)	VAR54	Поверхность косточки
VAR27	Толщина плода (мм)	VAR55	Форма вершины косточки
VAR28	Индекс формы плода -1		

Табл. 4

Факторные нагрузки 23 признаков вегетативных частей у 34 сортов диплоидных слив после ротации (метод Varimax raw)

	Factor 1	Factor 1	Factor 3	Factor 4	Factor 5	Factor 6
VAR1	**,926310**	-,116094	-,213260	,156097	,038997	,061353
VAR2	**,953874**	,055568	,087541	-,041352	,173591	,090108
VAR3	**,909907**	-,077518	-,258012	,186676	,062759	,087202
VAR4	,593191	**,702481**	,038514	,120259	-,101453	,035825
VAR5	**,873705**	,026991	,001194	,156724	-,167032	-,112365
VAR6	-,161568	,315221	,625185	-,398319	,278021	,115828
VAR7	,622841	,141046	-,349394	-,009920	,127139	,003348
VAR8	-,448334	**,777597**	,226987	-,048023	-,118392	-,017075
VAR9	-,415521	-,079493	,110867	-,634322	,029687	,202238
VAR10	-,044794	-,053852	-,105380	,111595	-,074094	-,825108
VAR11	-,043961	,220666	,037152	-,545846	-,245342	-,171428
VAR12	-,111891	-,027384	-,020304	,057941	-,841507	-,017332
VAR13	,192602	-,111333	-,118033	,663886	-,178292	-,251029
VAR14	,610914	,297236	-,213542	-,173597	-,261945	-,157412
VAR15	-,197575	,209263	-,261345	-,431903	,145760	-,002262
VAR16	-,061558	-,107806	,533765	,127940	,224232	-,448823
VAR17	**,760754**	-,066124	-,073281	,255736	,075242	-,249501
VAR18	,669789	,290942	,196345	-,340963	,096987	-,272944
VAR19	,093113	**,776659**	-,122328	-,180696	,255131	,074624
VAR20	,201797	,356393	-,016585	,010116	,266926	-,362958
VAR21	,388477	,283056	-,379640	,402370	,322615	,096729
VAR22	-,297267	,062176	,537532	,133363	-,240445	,176420
VAR23	-,161854	,041725	,670648	-,139798	-,101533	,126633

Табл. 5

Составы кластеров сортов сливы домашней и диплоидных слив

№ кластера	*Количество сортов*	*Название сортов*
		Слива домашняя
1	5	Аврора, Янтарка, Тернослива №6, гибрид 8-9
2	8	Евразия 21, Жигули, Лунная, Москвичка, Ранняя желтая, гибрид 2-3-35, Зюзинская, Красная десертная
3	5	Северянка, Скороспелка красная, гибрид 49-9, гибрид 7-10, гибрид 31-6
4	7	Гибрид 31-3, Иерусалимская, Опал, Ренклод тамбовский, Фиолетовая, Чародейка, гибрид 44-91
5	7	Мирная, Окская, Скороспелка новая, слива Филатова, Смолинка, слива Маркова, Память Финаева
6	4	Малаховская, Виктория, Синяя капля, гибрид 56-17
7	7	Маяк, Тульская черная, Премьера, Дружба, Память Пашкевича, гибрид 4-39, гибрид 14-15-2
8	5	Венгерка московская, Волжская красавица, Евразия 3, Стенлей, Воронежская
9	2	Гибрид 31-16, Рекорд
10	1	Ренклод Северный
всего	**54**	
		Диплоидные сливы
1	3	Сестра зари, Сарматка, Амурская ранняя
2	5	Красный шар, Гек, Янтарные шарики, Пересвет, с-ц Ракеты
3	3	Путешественница, Аленушка, Сувенир востока
4	5	Кубанская комета, алыча 1-19, алыча 2-11, алыча 2-10, Прамень
5	3	Алыча 2-9, Гранит, Чук
6	5	Гибрид 22-10-90, алыча 1-26, алыча 1-9, алыча 1-6, алыча 1-4
7	2	Ветразь, Скороплодная
8	3	Алыча 1-23, алыча 1-23, алыча 2-1
9	4	Лавина, алыча 1-13, алыча 1-7, алыча 2-8
10	1	Найдёна
всего	**34**	

Табл. 6

Евклидовые расстояния между кластерами сливы домашней

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,00	11,49	12,56	70,39	14,06	197,82	51,54	135,53	328,32	533,89
2	3,39	0,00	15,54	81,28	15,52	221,30	39,91	111,41	286,13	592,91
3	3,54	3,94	0,00	125,36	38,23	286,26	16,83	78,28	229,04	687,78
4	8,39	9,01	11,19	0,00	28,46	35,39	220,99	376,83	666,04	242,26
5	3,75	3,94	6,18	5,33	0,00	123,58	94,22	202,32	423,34	424,65
6	14,06	14,87	16,91	5,94	11,11	0,00	428,60	638,50	1001,3	100,38
7	7,17	6,31	4,10	14,86	9,70	20,70	0,00	24,66	124,51	905,95
8	11,64	10,55	8,84	19,41	14,22	25,26	4,96	0,00	46,56	1195,0
9	18,11	16,91	15,13	25,80	20,57	31,64	11,16	6,82	0,00	1684,8
10	23,10	24,34	26,22	15,56	20,60	10,01	30,09	34,56	41,04	0,00

Табл. 7

Евклидовые расстояния между кластерами сортов диплоидных слив

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,00	25,12	59,81	37,86	24,43	79,57	225,16	194,20	94,46	278,52
2	5,01	0,00	151,72	88,56	29,25	38,49	390,46	97,72	190,27	146,66
3	7,73	12,31	0,00	73,83	126,09	260,32	65,04	461,53	68,91	574,31
4	6,15	9,41	8,59	0,00	24,32	96,15	173,78	246,40	23,41	375,23
5	4,94	5,40	11,22	4,93	0,00	27,36	302,73	121,46	92,18	215,29
6	8,92	6,20	16,13	9,80	5,23	0,00	507,87	35,63	207,45	104,93
7	15,00	19,76	8,06	13,18	17,39	22,53	0,00	798,79	93,32	980,71
8	13,93	9,88	21,48	15,69	11,02	5,96	28,26	0,00	410,53	36,10
9	9,71	13,79	8,30	4,83	9,60	14,40	9,66	20,26	0,00	582,72
10	16,68	12,11	23,96	19,37	14,67	10,24	31,31	6,00	24,13	0,00

Табл. 8

Ядерно-цитоплазматические формулы сортов диплоидных слив в пределах выделенных кластеров

№п.п.	Количество сортов	Название сорта	Ядерно-цитоплазматические формулы
1	3	Сестра зари	$[S_t]$ (0,75) S_t (0,25) S_u
		Сарматка	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,75) S_u
		Амурская ранняя	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
2	5	Красный шар	$[S_t]$ (0,5) S_t (0,5) S_u
		Гек	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
		Янтарные шарики	$[S_u]$ (1,0) S_u
		Пересвет	$[S_u]$ (1,0) S_u
		с-ц Ракеты	$[S_u]$ (1,0) S_u
3	3	Путешественница	$[S_s]$ (0,125)S_t (0,125)S_s (0,75)C
		Алёнушка	$[S_t]$ (0,625) S_t (0,375) S_u
		Сувениер востока	$[S_t]$ (0,75) S_t (0,25) S_u
4	5	Кубанская комета	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
		Прамень	[C] (0,25) S_u (0,75)C
		алыча 2-11	[C] (1,0)C
		алыча 2-10	[C] (1,0)C
		алыча 1-19	[C] (1,0)C
5	3	алыча 2-9	[C] (1,0)C
		Гранит	$[S_t]$ (0,125)S_t (0,125)A (0,75)C
		Чук	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
6	5	22-10-90	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
		алыча 1-26	[C] (1,0)C
		алыча 1-9	[C] (1,0)C
		алыча 1-6	[C] (1,0)C
		алыча 1-4	[C] (1,0)C
7	2	Ветразь	$[S_u]$ (0,25) S_t (0,5) S_u (0,25)C
		Скороплодная	$[S_t]$ (0,5) S_t (0,5) S_u
8	3	алыча 1-23	[C] (1,0)C
		алыча 1-22	[C] (1,0)C
		алыча 2-1	[C] (1,0)C
9	4	Лавина	$[S_t]$ (0,25) S_t (0,25) S_u (0,5)C
		алыча 1-13	[C] (1,0)C
		алыча 1-7	[C] (1,0)C
		алыча 1-8	[C] (1,0)C
10	1	Найдена	$[S_t]$ (0,5) S_t (0,25) S_u (0,25)C

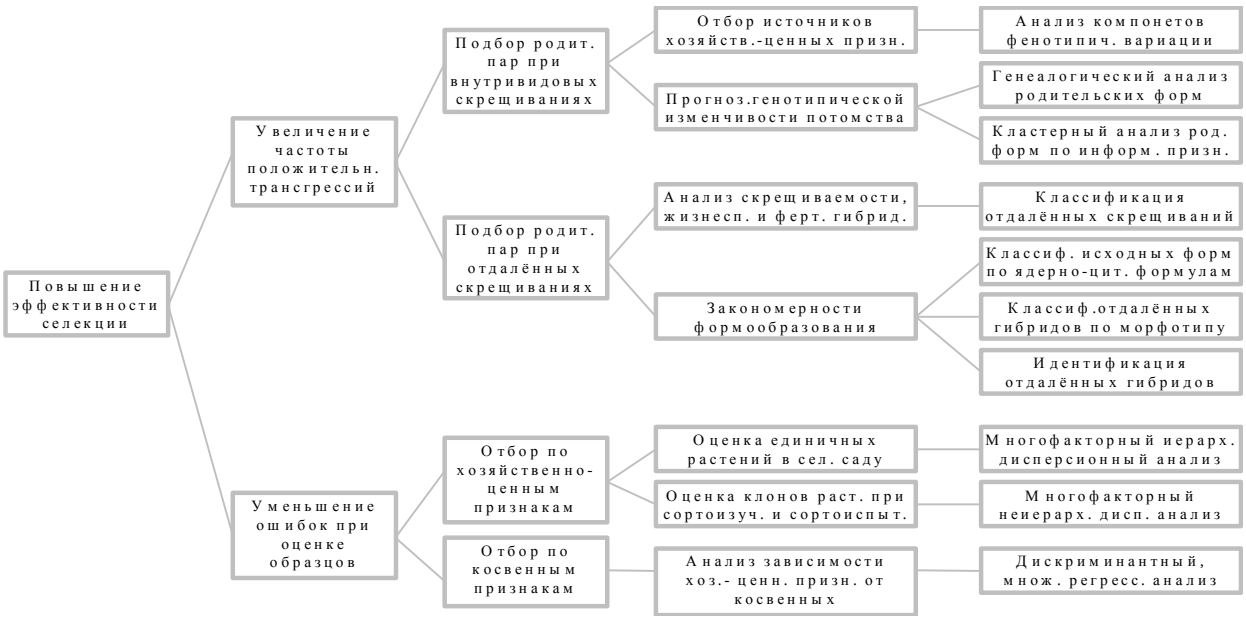

Рис. 1. Принципиальная схема путей повышения эффективности селекции косточковых плодовых культур

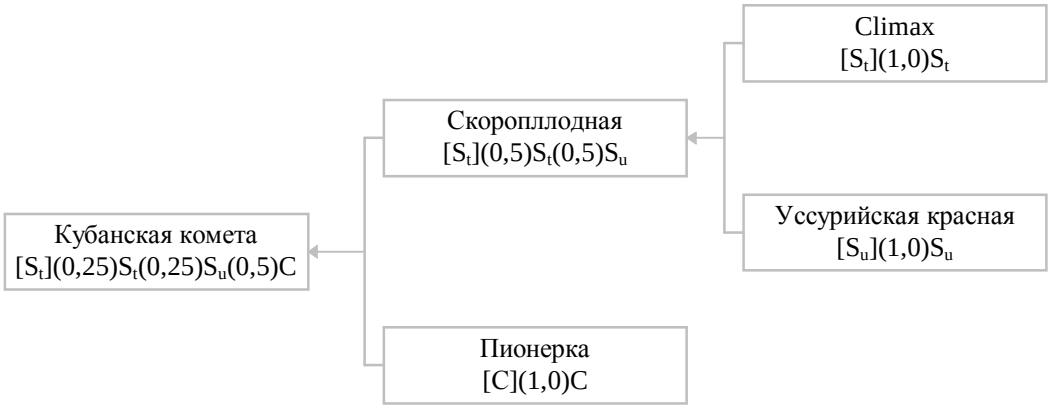

Рис.2. Генеалогия сорта алычи гибридной Кубанская комета

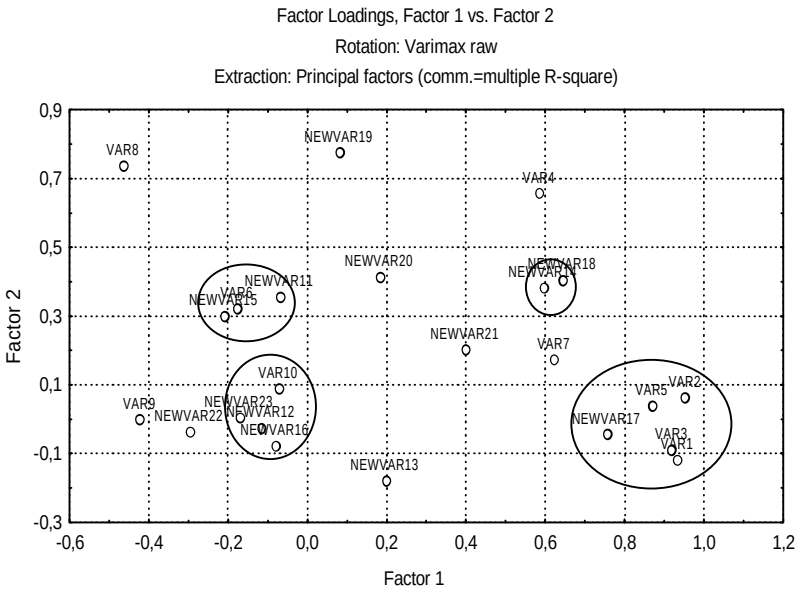

Рис.3. Распределение 23 признаков вегетативных частей в плоскости 2-х главных факторов у 34 сортов диплоидных слив