

изменений климата на урожайность сельскохозяйственных культур и методы ведения сельского хозяйства в регионе. Кроме того, ANOVA используется для измерения изменений дневной температуры и осадков в течение определенного периода.

Ключевые слова: Потоки NEXUS, Изменение климата, Сырдарья, Кызылорда, Показатели социально-экономических и экологических систем (СЭС), Корреляционный анализ, Регрессионный анализ, ANOVA, эффективность орошения.

МРНТИ 68.35.31

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2023/19>

И.П. Ошергина, Е.А. Тен*

ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А.И. Бараева», п. Научный, Республика Казахстан. egoriha76@mail.ru, jekon_t87.07@mail.ru*

КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ГОРОХА НА ОСНОВЕ КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА

Аннотация

Зернобобовые культуры богаты белком, в следствии чего являются важным компонентом растениеводческого биоразнообразия и продовольственной безопасности. Обеспечение населения страны продовольствием – главная задача аграрного производства. Целью настоящего исследования было изучение генетического разнообразия сортов гороха и определения степени генетического расхождения между коллекционными образцами. Изучено 37 генотипов гороха усатого морфотипа, различного эколого-географического происхождения. Исследования проводили на полях селекционного питомника Научно-производственном центре зернового хозяйства имени А.И. Бараева. Кластерный анализ — это процедура группировки объектов исследования по определённому набору данных. Наблюдения проводились по 12 количественным признакам, а именно: вегетационный период от всходов до цветения, сут.; от всходов до созревания, сут.; урожайность, г/м²; число междоузлий, шт.; число продуктивных узлов, шт.; высота растения, см.; высота прикрепления нижнего боба, см.; число бобов на растении, шт.; число семян в бобе, шт.; число семян с растения, шт.; масса семян с растения, г.; масса 1000 семян, г., с помощью анализа основных компонентов и кластерного анализа для определения родства и генетического расхождения между особями. В результате кластерного анализа сгруппировали 37 образцов зародышевой плазмы гороха в два основных кластер и пять подгрупп, при этом минимальное количество образцов было обнаружено во втором кластере, в группе 3В (1 шт.), а максимальное количество было обнаружено в группе 1В (13 шт.). Полученные результаты показали, что среди двух кластеров отдельный генотип в группе 2С имеет наивысшее среднее значение практически по всем анализируемым признакам, кроме числа семян в бобе. Для селекционных программ образцы 2-го кластера, выделившихся по основным хозяйственно-ценным признакам представляют наибольший интерес и могут быть использованы в качестве родительских форм при гибридизации.

Ключевые слова: *генетические ресурсы, горох, вегетационный период, морфологические признаки, кластерный анализ, селекция, урожайность.*

Введение

Изменение климата представляет собой огромную проблему для повышения урожайность сельскохозяйственных культур. Из-за последствий изменения климата урожайность некоторых основных сельскохозяйственных культур уже стагнировала или даже

была снижена [1]. В связи с постоянным изменением климата возникает потребность в новых адаптированных к местным условиям сортах с высокой семенной продуктивностью [2]

Генетически ресурсы растений – часть биологических ресурсов, включающая растительный материал, содержащий функциональные единицы наследственности, представляющий фактическую или потенциальную ценность для селекции сортов и гибридов растений [3]. Ресурсы зародышевой плазмы являются стратегическим ресурсом, необходимым для национальной и глобальной сельскохозяйственной безопасности.

Наиболее важным этапом в развитии сельскохозяйственных культур является оценка генетического разнообразия и выявление наиболее ценных генотипов. Разнообразие – это гарантия улучшения сельскохозяйственных культур, а также источник новых генов для борьбы с угрозами, вызванными биотическими или абиотическими факторами [4]. Чтобы получить сорта, отвечающие требованиям современного рынка, родительские формы, для получения этих сортов, должны иметь генетическое расстояние, то есть быть максимально непохожими друг на друга [5]. Чем больше генетическое расстояние между родителями, тем больше гетерозис у потомства [6]. Генетическое разнообразие – самый важный инструмент для программы гибридизации при выборе подходящего типа родителей [7]. Очень важно подобрать родительские пары для использования в питомниках скрещивания, чтобы максимизировать генетическую рекомбинацию и потенциально увеличить урожайность [8]. Расширение генетической базы путем вовлечения в скрещивание новых родителей является важным механизмом в селекции, но этот материал должен быть хорошо изучен и адаптирован к конкретной климатической зоне [9].

Горох является наиболее широко культивируемым бобовым растением в умеренных зонах [10] и является неотъемлемой частью рациона питания человека во многих странах благодаря своей высокой питательной ценности. Горох является важным источником высококачественных белков, крахмала, микроэлементов, пищевых волокон, фенольных соединений и антиоксидантов [11].

Материалы и методы

Испытание проводилось на полях Научно-производственного центра зернового хозяйства им. А.И. Бараева, Республика Казахстан в течение 2021-2022 гг. в условиях неорошаемого земледелия для оценки степени генетического разнообразия и родства между генотипами.

В оптимальный срок (19.05.2021 и 22. 05. 2022) был произведен посев гермоплазмы гороха. Размер делянки составил 4 м². Посев произведён селекционной, фракционной, конусной сеялкой ССФК 7 на глубину 4 см.

Материалом исследований является часть (37 образцов) обширной коллекции гороха отдела зернобобовых культур ТОО «НПЦЗХ им. А.И. Бараева», состоящая из гермоплазмы зарубежных сортов мировой коллекции, и отечественного селекционного материала. Наблюдения были проведены на 10 растениях, расположенных в одних и тех же полевых условиях, по двенадцати морфологическим количественным признакам, а именно: вегетационный период суток до цветения, суток до созревания, число междоузлий, число продуктивных узлов, высота растения, число бобов на растении, число семян в бобе, число семян с растения, масса семян с растения, масса 1000 семян.

Удалённость Научно-производственного района от областного центра Кокшетау — 225 км. Производственные посеы расположены на 51°40'38" с. ш. 71°00'58" в. д., абсолютная высота — 357 метров над уровнем моря.

Климат холодно-умеренный, с недостаточным увлажнением. Среднегодовая температура воздуха отрицательная и составляет около -3,6°C. Среднемесячная температура воздуха в июле достигает +19,8°C. Начало образования устойчивого снежного покрова приходится на конец октября — начало ноября. Среднемесячная температура января составляет около -15,0°C. Среднегодовое количество осадков составляет около 320-350 мм. Основная часть осадков выпадает в период с января по март.

Особенностью климата Акмолинской области является нарастание тепла в конце апреля, начале мая, что способствует сходу и без того маломощного снежного покрова. Осадки в виде дождей в мае выпадают в ограниченном количестве, о чём свидетельствует низкий ГТК вегетационных периодов 2021 и 2022 гг. (рис. 1).

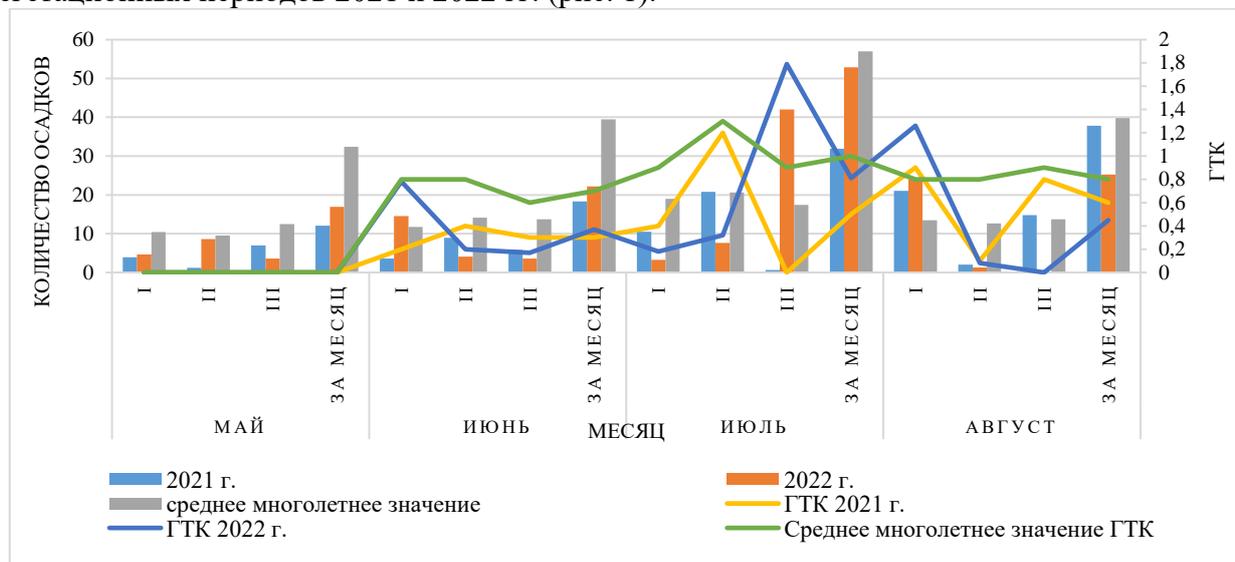


Рисунок 1 - Количество осадков и ГТК за вегетационный период 2021-2022 гг.

Вегетационные периоды 2021 и 2022 года характеризовались небольшим количеством зимних осадков, а также малым количеством осадков в весенний период при высоких температурах (рис. 2)

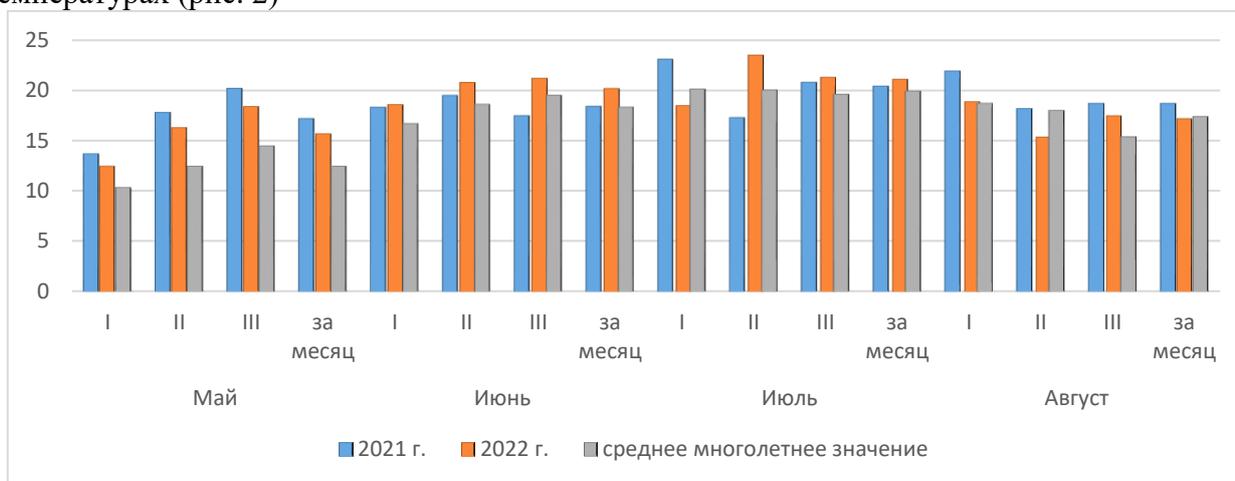


Рисунок 2 - Температурный режим за вегетационный период 2021-2022 гг.

Погодно-климатические условия периода вегетации по годам проводимых исследований имели значительные различия, что позволило оценить образцы гороха в полной мере. Наиболее благоприятные условия для роста и развития образцов гороха сложились в 2022 году.

Кластерный анализ выполнялся в модуле Cluster Analysis пакета программ SPSS STATISTIC. При построении дендрограмм использовалась евклидова метрика и метод единичной связи.

Результаты и обсуждения

Для эффективного отбора высших генотипов, наличие зародышевой плазмы является обязательным условием в селекционных программах. Селекционер должен определить источник благоприятных генов и включить их в программу гибридизации и выбрать для комбинации желательных признаков, которые могут привести к выделению продуктивных генотипов и сортов. Таким образом, настоящее исследование предпринято для того, чтобы

понять масштабы генетического расхождения для выявления более разнообразных родителей для генетического улучшения гороха.

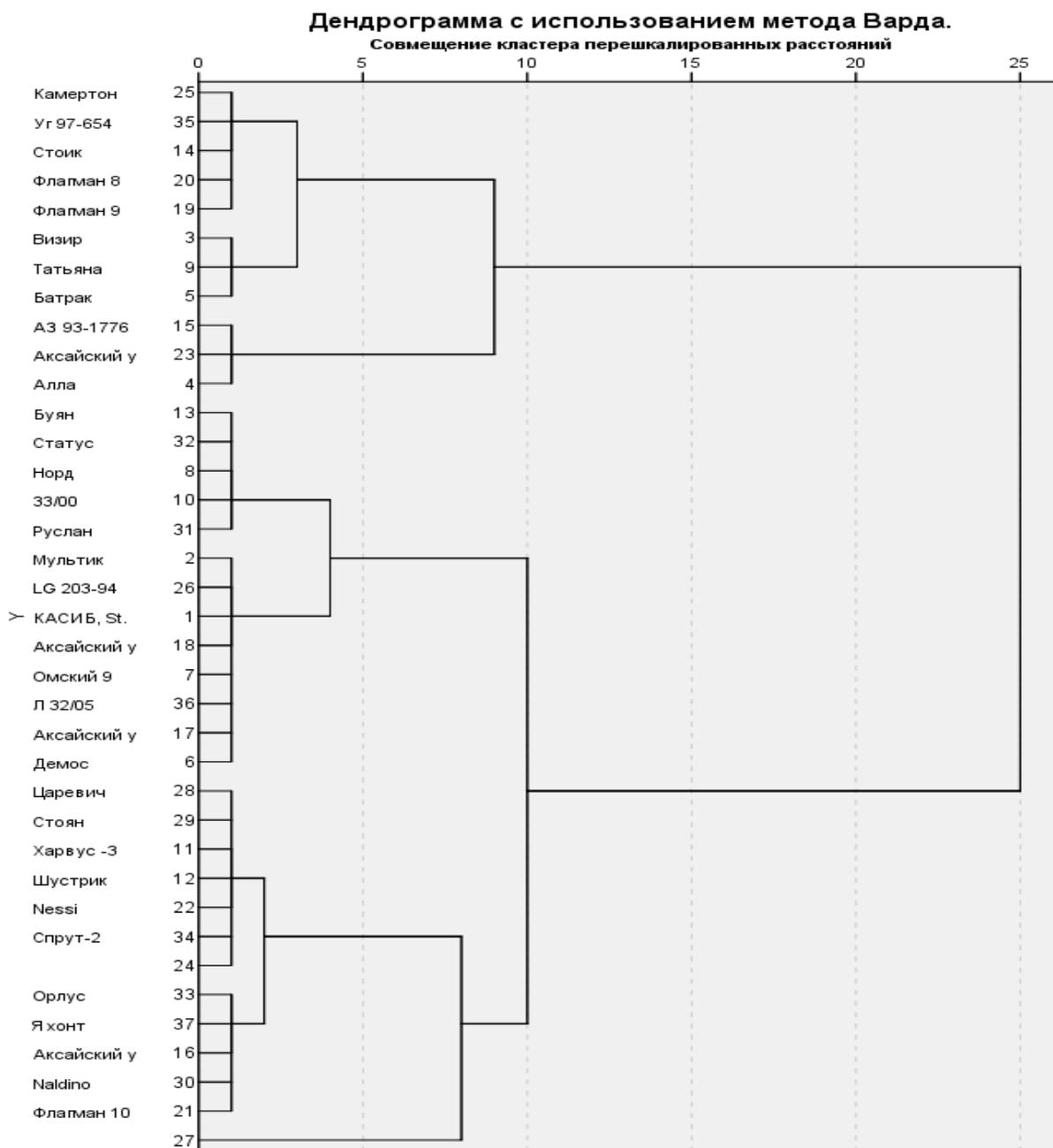


Рисунок 3 - Дендрограмма генотипов гороха

Данные, полученные в результате наблюдений по двенадцати морфологическим признакам, были подвергнуты статистическому анализу, который даёт четкую картину наличия широкого спектра изменчивости между генотипами. В ходе дисперсионного анализа выявлена достаточная изменчивость среди генотипов, но степень генетического разнообразия, присутствующего среди генотипов не подлежит объяснению, поэтому был проведен кластерный анализ для количественной оценки генетического расхождения между генотипами или группой генотипов. Использование этого метода оценки селекционного материала на ранних этапах селекции позволяет ускорить создание новых сортов [12]. Он используется для анализа агрономических, фенологических и морфологических особенностей различных культур как для оценки результатов гибридизации, так и для оценки разнообразия генофонда [13].

С помощью кластерного анализа, на основе двенадцати морфологических признаков, средних за 2021-2022 гг. Проанализированные 37 генотипов гороха сгруппировали в 2 основных кластера (рис. 3). Принципом обработки результатов является классификация образцов в группы по критерию наибольшего подобия [14].

На дендрограмме показаны два очень четко разделенных кластера, один из которых состоит из генотипов с меньшей урожайностью, другой - с большей. Первый кластер состоит из двух подгрупп, а второй из трёх подгрупп образцов гермоплазмы. Эти результаты указывают на наличие вариабельности между генотипами, свидетельствующих о высокой вероятности рекомбинации, использованными в данном исследовании.

Состав подгрупп кластеров варьировал от 3 до 13 генотипов. Максимальное количество генотипы (13) были сгруппированы в кластере 2, группе 2А. Минимальное количество генотипов был представлен также в кластере 2, группе 2С - 1 генотип (таблица 1).

Таблица 1 - Состав кластеров генотипов гороха.

№ кластера	№ подкластера	Название генотипа	Кол-во образцов	%
1	1А	Камертон, Уг 97-654, Стоик, Флагман 8, Флагман 9, Визир, Татьяна, Батрак	8	22,2
	1В	АЗ 93-1776, Аксайский усатый 15, Алла	3	8,3
2	2А	Буян, Статус, Норд, 33/00, Руслан, Мультик, LG 203-94, КАСИБ, Аксайский ус. к8802, Омский 9, Л 32/05, Аксайский ус. к8841, Демос	13	36,1
	2В	Царевич, Стоян, Харвус-3, Шустрик, Nessi, Спрут-2, Комбайновый 2, Орлус, Яхонт, Аксайский ус. к8921, Naldino, Флагман 10	12	33,3
	2С	Харьковский янтарный	1	2,8

Важно оценить вклад каждого признака в общую наблюдаемую изменчивость генотипов. Это позволяет выделить основные признаки, на долю которых приходится большая доля наблюдаемых вариаций. Также позволяет селекционеру сосредоточиться на конкретных признаках, представляющих интерес для улучшения урожая.

Таблица 2 показывает ценные признаки для пяти кластерных подгрупп из 37 генотипов гороха.

Таблица 2- Средние значения двух кластеров для 12 количественных признаков.

Клас-теры	Подкла-стеры	от В до Ц	от В до С	У	Му	ПУ	h P	h до НБ	Б на Р	С в Б	С с Р	МС	М 1000
1	1А	33,4 ±0,7	81,4 ± 1,1	90,2 ±11,3	9,5 ±1,3	2,4 ±0,7	34,9 ±4,1	30,6 ±3,8	3,0 ±0,5	3,6 ±0,7	8,6 ±1,8	2,00 ±0,3	219,80 ±16,0
	1В	33,3 ±0,6	80,7 ±1,2	67,5 ±11,2	8,7 ±0,6	2,3 ±0,6	35,3 ±8,1	30,0 ±6,9	3,0 ±0,0	4,0 ±0,0	10,0 ±1,2	2,10 ±0,6	169,80 ±9,3
2	2А	33,2 ±0,7	80,5 ±1,1	136,80 ±17,8	9,8 ±0,8	2,5 ±0,5	36,2 ±5,5	31,2 ±5,0	3,2 ±0,6	3,8 ±0,4	10,2 ±1,7	2,10 ±0,4	188,30 ±10,1
	2В	32,9 ±0,5	80,8 ±1,1	126,90 ±13,7	10,0 ±0,9	2,3 ±0,5	39,3 ±5,3	34,0 ±4,5	3,3 ±0,5	3,8 ±0,6	9,8 ±1,8	2,20 ±0,4	219,50 ±7,6
	2С	34,0	82,0	201,00	11,0	3,0	41,0	33,0	4,0	4,0	26,0	5,28	242,00

от В до Ц – вегетационный период от всходов до цветения, сут.; от В до С – вегетационный период от всходов до созревания, сут.; У – урожайность, г/м²; Му – количество междоузлий, шт.; ПУ – продуктивных узлов, шт.; h P – высота растения, см.; h до НБ – высота до нижнего боба, см.; Б на Р – бобов на растении, шт.; С в Б семян в бобе, шт.; С с Р семян с растения, шт.; МС – масса семян с растения, г.; М 1000 -масса 1000 семян, г.

Полученные результаты показали, что среди двух кластеров отдельный генотип в группе 2С имеет наивысшее среднее значение практически по всем анализируемым признакам, кроме числа семян в бобе. В группе 2В наблюдается среднее значение урожайности ниже, чем в 2С,

но у образцов этой группы превышающая остальные высота растения (39 см.) и высота прикрепления нижнего боба (34 см), а также масса семян с растения (2,18 г). Образцы группы 1А имеют наиболее высокую массу 1000 семян (219,82 г.). И могут быть использованы в селекционных программах на крупносемянность. Образцы подгруппы 1В и 2А наиболее раннеспелые. Из них 2 сорта местной селекции (Статус и КАСИБ) и 2 сорта из России созрели в среднем за два года наблюдений на 79 сутки. Средняя высота растений в группе 2В составила $39,3 \pm 5,3$ см, при этом сорт из Украины Спрут-2 достиг в высоту 47 см.

В группе 2А образцы имеют наибольшее количество продуктивных узлов ($2,5 \pm 0,5$).

Кроме того, сложные взаимосвязи между 12 количественными характеристиками были оценены на основе корреляционного анализа с коэффициентом корреляции Пирсона в 37 образцах (табл.3).

Таблица 3 – Корреляционный анализ элементов продуктивности образцов гороха

	от В до Ц	от В до С	У	Му	ПУ	h P	h до НБ	Б на Р	С в Б	С с Р	МС	М 1000
от В до Ц	1,00	0,59**	-0,11	-0,16	0,20	0,02	0,01	0,06	0,18	0,23	0,07	-0,07
от В до С	0,59**	1,00	0,01	-0,14	0,30	0,07	0,11	-0,08	0,19	0,17	0,12	0,15
У	-0,11	0,01	1,00	0,43**	0,08	0,14	0,08	0,25	0,04	0,42**	0,46**	0,16
Му	-0,16	-0,14	0,43**	1,00	0,24	0,43**	0,42**	0,10	0,07	0,23	0,24	0,15
ПУ	0,20	0,30	0,08	0,24	1,00	0,32	0,23	0,54**	0,37*	0,48**	0,47**	-0,11
h P	0,02	0,07	0,14	0,43**	0,32	1,00	0,97**	0,31	0,32*	0,363*	0,26	-0,02
h до НБ	0,01	0,11	0,08	0,42**	0,23	0,97**	1,00	0,17	0,30	0,24	0,14	-0,01
Б на Р	0,06	-0,08	0,25	0,10	0,54**	0,31	0,17	1,00	0,15	0,56**	0,60**	0,16
С в Б	0,18	0,19	0,04	0,07	0,37*	0,33*	0,30	0,15	1,00	0,32	0,23	-0,32
С с Р	0,23	0,17	0,45**	0,23	0,48**	0,36*	0,24	0,56**	0,32	1,00	0,90**	0,04
МС	0,07	0,12	0,46**	0,24	0,47**	0,26	0,14	0,60**	0,23	0,90**	1,00	0,16
М 1000	-0,07	0,15	0,16	0,15	-0,11	-0,02	-0,01	0,16	-0,32	0,04	0,16	1,00

** - Корреляция значима на уровне 0,01, * - Корреляция значима на уровне 0,05

Были показаны значительные связи между вегетационный период от всходов до цветения и вегетационный период от всходов до созревания ($0,59^{**}$); урожайностью и количество междоузлий ($0,43^{**}$): урожайностью и количеством семян с растения ($0,42^{**}$); урожайностью и массой семян с растения ($0,46^{**}$). Существуют сильные положительные корреляции между количеством продуктивных узлов и количеством бобов на растении ($0,54^{**}$); высотой растений и высотой до нижнего боба ($0,97^{**}$); количеством семян с растения и массой семян ($0,90^{**}$).

Коэффициент корреляции может отражать степень различия между различными фенотипическими признаками. Наблюдалась сильная положительная корреляция между степенью фенотипических различий, а также генетическим разнообразием. Это обеспечило более широкие возможности для использования фенотипических признаков для идентификации разновидностей и зародышевой плазмы [15]. Практическое значение имеют корреляционные связи урожайности с остальными компонентами продуктивности, т. к. отбор на урожайность растения является одним из основных направлений в селекции гороха.

Выводы

Анализируя данные получения желаемых гибридных форм, а в дальнейшем выведения новых сортов, в качестве родительских линий целесообразно использовать образцы 2-го кластера, выделившихся по основным хозяйственно-ценным признакам.

Генетически разнообразные генотипы могут быть использованы в качестве перспективных родителей для гибридизации. В любой селекционной программе выбор разнообразных родителей имеет первостепенное значение, поскольку они производят превосходное потомство. Группировка существующих генотипов на основе морфологических признаков позволяет селекционеру использовать существующие генетические ресурсы для дальнейших селекционных программ.

Сведения о источниках финансирования: Данная работа выполнена в рамках Программно-целевого финансирования Министерства сельского хозяйства Республики Казахстан BR10765000 «Создание высокопродуктивных сортов и гибридов зернобобовых культур на основе достижения биотехнологии, генетики, физиологии, биохимии растений для устойчивого их производства в различных почвенно-климатических зонах Казахстана».

Список литературы

1. Ray D. K., West P. C., Clark M., Gerber J. S., Prishchepov A. V., & Chatterjee S. (2019). Climate change has likely already affected global food production. *PloS one*, 14(5), e0217148. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0217148>
2. Некрасов Е.И., Марченко Д.М., Иванисов М.М. Экологическая пластичность сортов озимой мягкой пшеницы // *Зерновое хозяйство России*. – 2022. -Т.14, №2. – С. 54-58. <https://doi.org/10.31367/2079-8725-2022-80-2-54-58>
3. Савченко И.В. Роль генетических ресурсов в создании сортов культурных растений // *Селекция растений: прошлое, настоящее и будущее: сборник материалов I Всероссийской науч.-практ. конференции с междунар. участием, посвященной 140-летию НИУ «БелГУ» и 100-летию со дня рождения З.И. Щелоковой (г. Белгород, 24-26 ноября 2016 г.) / под общ. ред. Е.В. Думачевой*. – Белгород: ИД «Белгород» НИУ БелГУ, 2017. – С. 161 – 165.
4. Yu BY, Xiang DQ, Mahfuz H et al (2021) Understanding starch metabolism in pea seeds towards tailoring functionality for value-added utilization. *Int J Mol Sci* 22:8972. <https://doi.org/10.3390/ijms22168972>
5. Gepts P. (2006). Plant genetic resources conservation and utilization: The accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Sci.*, 46: 2278–2292. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.03.0169gas>.
6. Joshi B. K., Mudwari A., Bhatta M. R. and Ferrara G. O. (2004). Genetic diversity in Nepalese wheatcultivars based on agromorphological traits and coefficients of parentage. *Nepal Agric. Res. J.*, 5: 7-17.
7. Vus N. A., Kobzyeva L. N., & Bezuglaya O. N. (2020). Determination of the breeding value of collection chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions by cluster analysis. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii*, 24(3): 244–251. <https://doi.org/10.18699/VJ20.617>
8. Arrones A., Vilanova S., Plazas M., Mangino G., Pascual L., Díez M.J., Prohens J., Gramazio P. The Dawn of the Age of Multi-Parent MAGIC Populations in Plant Breeding: Novel Powerful Next-Generation Resources for Genetic Analysis and Selection of Recombinant Elite Material. *Biology*. 2020; 9(8):229. <https://doi.org/10.3390/biology9080229>
9. M.R. Islam, M.A.B. Faruquee, M.A.R. Bhuiyan, P.S. Biswas and M.A. Salam, 2004. Genetic Diversity in Irrigated Rice. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 7: 226-229. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2004.226.229>
10. Wille L, Kurmann M, Messmer MM, Studer B (2021) Untangling the pea root rot complex reveals microbial markers for plant health. *Front Plant Sci* 12:1–12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.737820>
11. Kaur V, Dhar S (2019) Genetic diversity assessment in garden pea (*Pisum sativum* L.) germplasm through principal component analysis. *Int J Chem Stud* 7:482–486
12. Vilchynskaya L.A., Gorodyska O.P., Dyianchuk M.V., Kaminna O.O. Cluster analysis in buckwheat breeding. *Visnyk Ukrainskoho Tovarystva Henetykiv i Seleksioneriv*. 2017;15(2):145-149.
13. Motavassel H. Grouping phenological and morphological characteristics of chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.) Ardabil region using cluster analysis and detection function. *IJFAS*, 2013; 2(23):1091-1094.
14. Казыдуб Н. Г., Маракаева Т. В., Коробейникова М. М., Епанчинцев М. В. Отбор перспективных образцов для селекции фасоли с использованием кластерного анализа в условиях Южной лесостепи Западной Сибири // *Вестник Омского государственного аграрного университета*. 2014. № 4(16). С 8–14.

15. Zhang Z., Yao Z. Y., Ma Q. Q., Liu J. M., Liu Y. X., Liang W. H., et al. (2022). A study on the phenotypic diversity of *Sinopodophyllum hexandrum* (Royle) ying. *Pak. J. Bot.* 54 (6), 2291–2302. DOI: [http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-6\(28\)](http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-6(28))

References

1. Ray D. K., West P. C., Clark M., Gerber J. S., Prishchepov A. V., & Chatterjee S. (2019). Climate change has likely already affected global food production. *PloS one*, 14(5), e0217148. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0217148>
2. Nekrasov E.I., Marchenko D.M., Ivanisov M.M. Ekologicheskaya plastichnost' sortov ozimoy myagkoj pshenicy // *Zernovoe hozyajstvo Rossii.* –2022. -Т.14, №2. – S. 54-58. <https://doi.org/10.31367/2079-8725-2022-80-2-54-58>
3. Savchenko I.V. Rol' geneticheskikh resursov v sozdanii sortov kul'turnyh rastenij // *Selekciya rastenij: proshloe, nastoyashchee i budushchee: sbornik materialov IVserossijskoj nauch.-prakt. konferencii s mezhdunar. uchastiem, posvyashchennoj 140-letiyu NIU «BelGU» i 100-letiyu so dnya rozhdeniya Z.I. SHCHelokovoj* (g. Belgorod, 24-26 noyabrya 2016 g.) / pod obshch. red. E.V. Dumachevoj. – Belgorod: ID «Belgorod» NIU BelGU, 2017. – S. 161 – 165. (In Russ.).
4. Yu BY, Xiang DQ, Mahfuz H et al (2021) Understanding starch metabolism in pea seeds towards tailoring functionality for value-added utilization. *Int J Mol Sci* 22:8972. <https://doi.org/10.3390/ijms22168972>
5. Gepts P. (2006). Plant genetic resources conservation and utilization: The accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Sci.*, 46: 2278–2292. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.03.0169gas>.
6. Joshi B. K., Mudwari A., Bhatta M. R. and Ferrara G. O. (2004). Genetic diversity in Nepalese wheatcultivars based on agromorphological traits and coefficients of parentage. *Nepal Agric. Res. J.*, 5: 7-17.
7. Vus N. A., Kobyzeva L. N., & Bezuglaya O. N. (2020). Determination of the breeding value of collection chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions by cluster analysis. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii*, 24(3): 244–251. <https://doi.org/10.18699/VJ20.617>
8. Arrones A., Vilanova S., Plazas M., Mangino G., Pascual L., Díez M.J., Prohens J., Gramazio P. The Dawn of the Age of Multi-Parent MAGIC Populations in Plant Breeding: Novel Powerful Next-Generation Resources for Genetic Analysis and Selection of Recombinant Elite Material. *Biology*. 2020; 9(8):229. <https://doi.org/10.3390/biology9080229>
9. M.R. Islam, M.A.B. Faruquei, M.A.R. Bhuiyan, P.S. Biswas and M.A. Salam, 2004. Genetic Diversity in Irrigated Rice. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 7: 226-229. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2004.226.229>
10. Wille L., Kurmann M., Messmer M.M., Studer B. (2021) Untangling the pea root rot complex reveals microbial markers for plant health. *Front Plant Sci* 12:1–12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.737820>
11. Kaur V., Dhar S. (2019) Genetic diversity assessment in garden pea (*Pisum sativum* L.) germplasm through principal component analysis. *Int J Chem Stud* 7:482–486
12. Vilchynskaya L.A., Gorodyska O.P., Dyanchuk M.V., Kaminna O.O. Cluster analysis in buckwheat breeding. *Visnyk Ukrainskoho Tovarystva Henetykiv i Seleksioneriv*. 2017;15(2):145-149.
13. Motavassel H. Grouping phenological and morphological characteristics of chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.) Ardabil region using cluster analysis and detection function. *IJFAS*, 2013; 2(23):1091-1094.
14. Kazydub N. G., Marakaeva T. V., Korobejnikova M. M., Epanchinev M. V. Otorb perspektivnyh obrazcov dlya selekcii fasoli s ispol'zovaniem klaster'nogo analiza v usloviyah YUzhnoj lesostepi Zapadnoj Sibiri // *Vestnik Omskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2014. № 4(16). S 8–14.

15. Zhang Z., Yao Z. Y., Ma Q. Q., Liu J. M., Liu Y. X., Liang W. H., et al. (2022). A study on the phenotypic diversity of *Sinopodophyllum hexandrum* (Royle) ying. Pak. J. Bot. 54 (6), 2291–2302. DOI: [http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-6\(28\)](http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-6(28))

И.П. Ошергина*, Е.А. Тен

« А.И. Бараев атындағы астық шаруашылығы ғылыми-өндірістік орталығы» ЖШС,
Научный ауылы, Қазақстан Республикасы, egoriha76@mail.ru*, jekon_t87.07@mail.ru

**КЛАСТЕРЛІК ТАЛДАУ НЕГІЗІНДЕГІ БҰРШЫШТЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ
РЕСУРСТАРЫН КЕШЕНДІ БАҒАЛАУ**

Аңдатпа

Бұршақ дақылдары ақуызға бай, нәтижесінде өсімдік биоәртүрлілігі мен азық-түлік қауіпсіздігінің маңызды құрамдас бөлігі болып табылады. Ел халқын азық – түлікпен қамтамасыз ету-аграрлық өндірістің басты міндеті. Бұл зерттеудің мақсаты бұршақ сорттарының генетикалық әртүрлілігін зерттеу және коллекциялық үлгілер арасындағы генетикалық алшақтық дәрежесін анықтау болды. Әр түрлі экологиялық-географиялық шығу тегі бар мұртты морфотипті бұршақтың 37 генотипі зерттелді. Зерттеулер А. и. Бараев атындағы Астық шаруашылығы ғылыми-өндірістік орталығының селекциялық питомнигінің егістіктерінде жүргізілді. Кластерлік талдау-бұл зерттеу объектілерін белгілі бір мәліметтер жиынтығы бойынша топтастыру процедурасы. Бақылаулар 12 сандық белгілер бойынша жүргізілді, атап айтқанда: көшеттерден гүлденуге дейінгі вегетациялық кезең, күн.; көшеттерден пісуге дейін, күн.; өнімділік, г/м²; түйіндер саны, дана; өнімді түйіндер саны, дана; өсімдік биіктігі, см; төменгі бұршақтың бекіту биіктігі, см.; өсімдіктегі бұршақ саны, дана.; бұршақтағы тұқым саны, дана.; өсімдіктегі тұқым саны, дана.; өсімдіктен алынған тұқымның массасы, г.; 1000 тұқымның массасы, г., жеке адамдар арасындағы туыстық пен генетикалық алшақтықты анықтау үшін негізгі компоненттерді талдау және кластерлік талдау арқылы. Кластерлік талдау нәтижесінде бұршақ ұрық плазмасының 37 үлгісі екі негізгі топқа топтастырылды кластер және бес кіші топ, екінші кластерде үлгілердің ең аз саны 3В тобында (1 дана), ал максималды саны 1В тобында (13 дана) табылды. Нәтижелер екі кластердің ішінде 2с тобындағы жеке генотиптің бобтағы тұқым санынан басқа барлық дерлік талданатын белгілер бойынша ең жоғары орташа мәні бар екенін көрсетті. Селекциялық бағдарламалар үшін негізгі экономикалық және құнды белгілері бойынша бөлінген 2-ші кластердің үлгілері үлкен қызығушылық тудырады және будандастыру кезінде ата-аналық формалар ретінде пайдаланылуы мүмкін.

Кілт сөздер: генотип, бұршақ, кластерлік талдау, селекция.

I.P. Oshergina*, E.A. Ten

LLC "Scientific and Production Center of grain farming named after A.I. Baraev", Scientific village, Republic of Kazakhstan, egoriha76@mail.ru*, jekon_t87.07@mail.ru

**COMPREHENSIVE ASSESSMENT OF PEA GENETIC RESOURCES BASED ON
CLUSTER ANALYSIS**

Abstract

Leguminous crops are rich in protein, as a result of which they are an important component of crop biodiversity and food security. Providing the country's population with food is the main task of agricultural production. The purpose of this study was to study the genetic diversity of pea varieties and determine the degree of genetic discrepancy between the collection samples. 37 genotypes of the baleen pea morphotype, of various ecological and geographical origin, have been studied. The research was carried out in the fields of the breeding nursery of the Scientific and Production Center of Grain Farming named after A.I. Baraev. Cluster analysis is a procedure for grouping research objects by a specific data set. Observations were carried out on 12 quantitative signs, namely: the growing season from germination to flowering, day.; from germination to maturation, day.; yield, g/m²; number of internodes, pcs.; number of productive nodes, pcs.; plant height, cm.; height of attachment of the lower bean, cm.; number of beans per plant, pcs.; number of seeds in a bean, pcs.;

number of seeds from a plant, pcs.; the mass of seeds from a plant, g.; the mass of 1000 seeds, g., using the analysis of the main components and cluster analysis to determine the relationship and genetic discrepancy between individuals. As a result of cluster analysis, 37 samples of pea germplasm were grouped into two main clusters and five subgroups, while the minimum number of samples was found in the second cluster, in group 3B (1 pc.), and the maximum number was found in group 1B (13 pcs.). The results obtained showed that among the two clusters, a separate genotype in group 2C has the highest average value for almost all the analyzed traits, except for the number of seeds in the bean. For breeding programs, samples of the 2nd cluster, distinguished by the main economically valuable characteristics, are of the greatest interest and can be used as parent forms during hybridization.

Key words: genotype, peas, cluster analysis, selection

MPNТИ 68.35.53

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2023/20>

Ә. С. Сәдуақас¹, М.Ж. Султанова*¹, Г. З. Джахангирова², А. М. Рысбекова³

¹Астанинский филиал ТОО «Казахский научно-исследовательский институт перерабатывающей и пищевой промышленности», Астана, Казахстан, aykon96@mail.ru, sultanova.2012@mail.ru*

²Ташкентский Химико-Технологический институт, Ташкент, Узбекистан, djaxangirova77@mail.ru

³Казахский научно-исследовательский институт защиты и карантина растений имени Ж. Жиёмбаева, Алматы, Казахстан, rysbekova949r@gmail.com

РАСТИТЕЛЬНЫЕ ИСТОЧНИКИ ВИТАМИНОВ И МИНЕРАЛЬНЫХ ВЕЩЕСТВ ДЛЯ ОБОГАЩЕНИЯ ПРОДУКТОВ ПИТАНИЯ

Аннотация

В последние годы на мировом рынке новых технологий и пищевых продуктов определилась тенденция к увеличению количества качественно новых продуктов, предназначенных для предупреждения различных заболеваний и укрепления защитных сил организма. На сегодня в рационе питания очень мало продуктов и биологически активных добавок иммуностимулирующего и общеукрепляющего действия. Из растительного сырья выращиваемого в Казахстане при соответствующих технологиях можно получить все необходимые биокомпоненты для оздоровления и профилактики заболевания людей. Целебными свойствами грецких орехов можно воспользоваться еще на стадии дозревания. Зеленая кожура таких плодов способна творить чудеса в организме человека и с давних пор применяется в народной медицине. В данной работе рассматривается возможность использования зеленой кожуры грецкого ореха как источника содержания витаминов и минеральных веществ растительного происхождения в пищевой промышленности. Был исследован химический состав кожуры грецкого ореха. Работа проводилась в ходе реализации проекта по теме «Использование нетрадиционных видов отходов грецкого ореха с целью получения продукта профилактического назначения» в рамках программы «Разработка наукоемких технологий глубокой переработки с/х сырья в целях расширения ассортимента и выхода готовой продукции с единицы сырья, а также снижения доли отходов в производстве продукции».

Ключевые слова: экстракт, зеленая кожура грецкого ореха, витамины, минеральные вещества, пищевая добавка.