

УДК 575:631.52:633.854.78:632.4(477)

В. В. Білик, Д. В. Чуйко*

Селекційна оцінка інбредних ліній соняшнику за комплексом господарських ознак і стійкістю до *Orobanche cumana*

Державний біотехнологічний університет, Харків, Україна

*E-mail: chuiko93ua@gmail.com

UDC 575:631.52:633.854.78:632.4(477)

V. V. Bilyk, D. V. Chuiko*

Breeding assessment of inbred sunflower lines by a set of economic traits and resistance to *Orobanche cumana*

State Biotechnological University, Kharkiv, Ukraine

*E-mail: chuiko93ua@gmail.com

Реферат: Метою дослідження була комплексна оцінка інбредних ліній соняшнику за морфологічними та продуктивними ознаками, а також визначити рівень їх стійкості до *Orobanche cumana* Wallr. в умовах лабораторного інфікування з подальшим виділенням цінних селекційних джерел. Дослідження включало лабораторний скринінг стійкості до вовчка (частка уражених рослин, кількість бульбочок, рівень незаражених рослин), польову оцінку морфометричних і продуктивних показників, кореляційний аналіз, а також аналіз головних компонент (РСА) для виявлення структури фенотипової варіабельності. За результатами досліджень встановлено значну мінливість інбредних ліній за основними господарсько цінними та адаптивними ознаками. За результатами лабораторної оцінки виділено три типи реакції рослин на ураження *O. cumana*, а саме повну сприйнятливість, кількісну (часткову) стійкість та низькоінтенсивне ураження, що може свідчити про полігенні механізми пригнічення розвитку паразита. Ліній із якісним (вертикальним) типом резистентності, характерним для генів Or, не виявлено. Біплот аналіз продемонстрував просторову диференціацію генотипів та незалежність продуктивності від параметрів стійкості. Найбільш перспективними джерелами кількісної резистентності виявлено лінії СД-038В, СД-029В та СД-049В, тоді як лінії СД-017В, СД-048В, СД-057В та СД-02В містили окремі стійкі рослини, що свідчить про доцільність внутрішньолінійного добору. Високопродуктивні генотипи (СД-047В, СД-014В, СД-029В) визначено як потенційні донори продуктивності. Отримані результати забезпечують цілісну характеристику інбредних ліній соняшнику та дозволяють визначити джерела цінних селекційних ознак, зокрема кількісної стійкості до *Orobanche cumana*. Матеріали дослідження можуть бути використані у сучасних селекційних програмах зі створення високопродуктивних та більш стійких гібридів соняшнику.

Ключові слова: соняшник, інбредні лінії, *Orobanche cumana*, стійкість до вовчка, гаусторії, продуктивність, РСА (аналіз головних компонент), селекційна цінність.

Abstract: Our purpose was to comprehensively evaluate inbred sunflower lines for morphological and productive traits and resistance to *Orobanche cumana* Wallr. under laboratory infection and, on this basis, to identify valuable sources for breeding. The study included laboratory screening for resistance to *O. cumana* (proportions of affected plants and uninfected plants, number of nodules), field assessments of morphometric and productive parameters, correlation analysis, and principal component analysis (PCA) to describe the structure of phenotypic variability. The results of the study revealed significant variability of inbred lines in major economically valuable and adaptive traits. Based on the laboratory assessments, we identified three types of plant response to *O. cumana*: complete susceptibility, quantitative (partial) resistance, and low-intensity damage, which may indicate polygenic mechanisms of suppression of the parasite's development. No lines with a qualitative (vertical) type of resistance, which is intrinsic to Or genes, were found. Biplot analysis demonstrated spatial differentiation of genotypes and independence of productivity from resistance parameters. Lines SD-038V, SD-029V, and SD-049V were recognized as the most promising sources of quantitative resistance, while lines SD-017V, SD-048V, SD-057V, and SD-02V

contained individual resistant plants, indicating the feasibility of intra-line selection. High-yielding genotypes (SD-047V, SD-014V, SD-029V) were identified as potential donors of productivity. Our findings provide a comprehensive characterization of inbred sunflower lines and allowed us to detect sources of valuable breeding traits, in particular quantitative resistance to *O. cumana*. The results can be used in current breeding programs to create high-yielding and more resistant sunflower hybrids.

Key words: sunflower, inbred lines, *Orobanche cumana*, resistance to broomrape, haustoria, productivity, PCA (principal component analysis), breeding value.

Вступ

Для роду *Helianthus* притаманна наявність великої кількості шкідливих організмів, що можуть суттєво знижувати продуктивність рослини, серед яких, представники грибкових, бактеріальних, вірусних хвороб та шкідливі комахи. Однак головною загрозою залишається вовчок соняшниковий. Вид вовчка соняшникового (*Orobanche cumana* Wallr.) є obligatною голопаразитичною рослиною, що нині становить головну перешкоду у насиченні сівозміни соняшником [1–3].

Одним з найбільш ефективних методів боротьби з вовчком соняшниковим є селекція на генетичну стійкість рослини [1]. Стійкість до вовчка соняшникового забезпечується двома основними генетичними механізмами: якісним і кількісним типом резистентності. На відміну від інших видів *Orobanche*, де генетична стійкість рослини-хазяїна має кількісний характер, у випадку *O. cumana* у соняшнику вона здебільшого є якісною або вертикальною [4, 5].

Відомі різні механізми стійкості рослини соняшнику до вовчка, зокрема якісні, які зумовлюються основними генами та є расоспецифічними. Ця стійкість зумовлюється взаємодією генів, де повна стійкість контролюється домінантними генами (Or1-Or5) в окремих локусах та забезпечує стійкість до п'яти рас вовчка А–Е [4, 6]. При появі наступної раси (F), було встановлено, що контроль стійкості відбувається одним домінантним геном Or6, двома рецесивними генами or6 або or7 та двома частково домінантними генами Or6 або Or7. Однак, цей тип стійкості є не довготривалим через швидку появу нових рас вовчка [6, 11].

Кількісні механізми стійкості соняшнику до вовчка включають численні другорядні QTL локуси, що пов'язані з такими ознаками, як кількість пагонів вовчка на рослині. На сьогодні відомо близько 17 таких локусів, що можуть дозволити контролювати стійкість до рас F та G [7–9]. Також були знайдені тимчасові та молекулярні механізми стійкості проти вовчка, які зумовлюють зменшення виділення коренями соняшнику речовин стимуляторів проростання

Introduction

The genus *Helianthus* suffers from multiple harmful organisms that can significantly reduce plant productivity, including fungi, bacteria, viruses, and insects. However, broomrape remains the main threat. Sunflower broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.) is an obligate holoparasitic plant that currently constitutes the main obstacle to saturated crop rotations with sunflower [1–3].

Breeding for genetic resistance of plants is one of the most effective methods to control broomrape [1]. Resistance to broomrape is determined by two major genetic mechanisms: qualitative and quantitative types of resistance. Unlike other *Orobanche* species, where the genetic resistance of the host plant is quantitative, resistance sunflower to *O. cumana* is mostly qualitative or vertical [4, 5].

Different mechanisms of resistance of sunflower plants to broomrape are known, in particular qualitative ones, which are determined by major genes and are race-specific. This type of resistance is determined by gene interactions, and complete resistance is controlled by dominant genes (Or1-Or5) at separate loci and confers resistance to five broomrape races (A-E) [4, 6]. When the next race (F) evolved, it was found that resistance was determined by one dominant gene (Or6), two recessive genes (or6 or or7), and two partially dominant genes (Or6 or Or7). However, this type of resistance is not long-lasting due to rapid evolution of new broomrape races [6, 11].

Quantitative mechanisms of sunflower resistance to broomrape include numerous secondary QTL associated with traits such as the number of broomrape shoots per plant. Currently, about 17 such loci are known; they can control resistance to races F and G [7–9]. Temporal and molecular mechanisms of resistance to broomrape were also discovered; due to these mechanisms, sunflower roots release smaller amounts of broomrape germination stimulants, and physical barriers to

вовчка та створення фізичних бар'єрів для закріплення паразиту на коренях [9, 10].

Зазвичай гетерозисні гібриди соняшнику мають кращу резистентність до вовчка ніж інбредні лінії, завдяки наявності в їхньому геномі комбінації механізмів резистентності [4]. Вузька генетична основа генів стійкості до вовчка сприяла розширенню пошуку стійких генотипів за рахунок скринінгу серед диких видів роду *Helianthus*, що суттєво розширило генетичну плазму соняшнику [12–16].

Створення інбредних ліній соняшнику є складним технологічним та науковим процесом. Для отримання вихідного матеріалу, що буде задовольняти потреби селекції, необхідно враховувати комплекс ознак, зокрема: продуктивність, стійкість до основних хвороб, архітектоніку рослини, біохімічний склад насіння та інше. Відбір рослин на початкових етапах лише за комплексом стійкості до вовчка є досить трудомістким та затратним процесом. Тому, прийнято проводити перші добори саме за елементами структури урожаю та продуктивності, а у подальшому здійснювати відбір стійких генотипів [17–20].

Основна мета нашого дослідження полягала у комплексній селекційній оцінці нових інбредних ліній соняшнику за морфометричними та продуктивними ознаками, а також за рівнем стійкості до *Orobanche cumana* з подальшим виділенням перспективних генотипів для створення високопродуктивних і стійких гібридів соняшнику.

Методика

Польові та основні лабораторні досліді з вивчення прояву основних цінних господарських ознак у нових інбредних ліній соняшнику були проведені у період 2023–2025 рр. на базі кафедри генетики, селекції та насінництва Державного біотехнологічного університету. Закладання польових досліджень проводили на стаціонарному полі № 2 (географічні координати місяця проведення – 49.903806, 36.446012). Лабораторну оцінку стійкості досліджуваних генотипів ліній проводили в умовах штучного клімату в дослідній лабораторії ТОВ «Нертус Агро».

Польові дослідження проведені згідно з методикою державного сортопробування [21]. Сівбу проводили у першій (01.05.2025 р.) другій (15.05.2023 та 12.05.2024 рр.) декаді травня ручними саджалками, схема посіву стандартна 70×25 см, в 3-разовій повторенні, попередник

the parasite's attachment to roots are formed [9, 10].

Typically, heterotic sunflower hybrids show better resistance to broomrape than inbred lines, due to combinations of resistance mechanisms in their genomes [4]. The narrow genetic basis of broomrape resistance made researchers seek for resistant genotypes and screen among wild *Helianthus* species, which significantly expanded the sunflower genetic plasma [12–16].

The creation of inbred sunflower lines is a complex technological and scientific process. To obtain starting materials that will meet the needs of breeding, one should take into account a set of traits, in particular productivity, resistance to common diseases, plant architecture, biochemical composition of seeds, etc. The selection of plants at the initial stages only for the broomrape resistance complex is a rather laborious and costly process. Therefore, it is customary to carry out the first selections for yield and productivity constituents, and subsequently to select resistant genotypes [17–20].

Our primary objective was to comprehensively evaluate new inbred sunflower lines for breeding-valuable morphometric and productive traits and then for resistance to *O. cumana* and, based on the obtained data, to select promising genotypes for creating highly productive and resistant sunflower hybrids.

Methods

The field and laboratory experiments to study the expression of major valuable economic traits in new inbred sunflower lines were conducted at the Department of Genetics, Breeding and Seed Production of the State Biotechnological University in 2023–2025. The field experiments were carried out in stationary field 2 (geographic coordinates - 49.903806, 36.446012). The lines were assessed for resistance in an artificial climate in the research laboratory of Nertus Agro LLC.

The field experiments were conducted by methods of state variety trials [21]. The lines were sown with manual planters within the first (05/01/2025) and second (05/15/2023 and 05/12/2024) 10 days of May. The sowing scheme was standard: 70×25 cm, in 3 replications. The predecessor was black fallow. The experimental plots were arranged systematically [22]. The

чорний пар. Розміщення дослідних ділянок систематичне [22]. Площа облікової ділянки становила 16,8 м². Додаткове підживлення на посівах не проводили. Для боротьби з бур'янами використовували суміш ґрунтових гербіцидів Дуал Голд (960 г/л S-метолахлор) та Гезагارد (500 г/л прометрин) за два тижні до сівби, норма внесення 2,0 л/га, а також ручні прополовання за потреби.

Як матеріал для дослідження було використано 27 ліній відновників фертильності пилку соняшнику власної селекції, серед яких 26 ліній отримані методом комбінативної селекції, а саме: СД-034В, СД-047В, СД-017В, СД-054В, СД-048В, СД-016В, СД-010В, СД-038В, СД-014В, СД-059В, СД-06В, СД-057В, СД-029В, СД-049В, СД-036, СД-044В, СД-051В, СД-018В, СД-055В, СД-058-В, СД-039В, СД-030В, СД-02В, СД-024В, СД-026В, СД-032В та одна лінія (ХНАУ488В) створена методом мутаційної селекції (рис. 1).

record area was 16.8 m². No additional fertilization was carried out. To control weeds, a mixture of soil herbicides (Dual Gold (960 g/L S-metolachlor) and Gesagard (500 g/L prometryn)) was applied at a dose of 2.0 L/ha two weeks before sowing; weeds were also eradicated manually as needed.

Twenty-seven lines of sunflower lines - pollen fertility restorers, which had been bred by us, were studied. Twenty-six lines were obtained by combinatorial breeding, viz. SD-034V, SD-047V, SD-017V, SD-054V, SD-048V, SD-016V, SD-010V, SD-038V, SD-014V, SD-059V, SD-06V, SD-057V, SD-029V, SD-049V, SD-036, SD-044V, SD-051V, SD-018V, SD-055V, SD-058-V, SD-039V, SD-030V, SD-02V, SD-024V, SD-026V, and SD-032V, and one line (KhNAU488V) was created by mutational breeding (Fig. 1).



Рис. 1. Нові інбредні лінії соняшнику: 1. СД-034В; 2. СД-017В; 3. СД-054В; 4. СД-044В; 5. СД-018В; 6. СД-036В.

Fig. 1. New inbred sunflower lines: 1. SD-034V; 2. SD-017V; 3. SD-054V; 4. SD-044V; 5. SD-018V; 6. SD-036V.

Лабораторну оцінку стійкості інбредних ліній соняшнику до вовчка (*Orobanchе cumanа* Wallr.) проводили згідно з методикою, розробленою в Інституті рослинництва ім. В.Я. Юр'єва НААН України [28]. Як субстрат використовували суміш торфу та піску. Інфекційне навантаження становило 2 г насіння вовчка на кожні 5 кг субстрату. Використовували суміш насіння вовчка з трьох різних

The resistance of the inbred sunflower lines to *O. cumanа* Wallr. Was assessed in the laboratory by the method developed at the Yuriev Plant Production Institute of NAAS of Ukraine [28]. A mixture of peat and sand was used as a substrate. The infectious load was 2 g of *O. cumanа* seeds per 5 kg of substrate. A mixture of *O. cumanа* seeds from three different geographical locations of Ukraine (Odeska,

географічних точок України (Одеська, Миколаївська та Харківська обл.). Температурна вирощування від 24 до 28°C, відносна вологість повітря приблизно 70 %. Для освітлення використовували світлодіодні лампи повного спектра. Повторність лабораторних експериментів 3-разова. Оцінку ступеня ураження коренів рослин бульбочками проводили на 28 день від початку сходів, де на кожній рослині підраховували кількість бульбочок, що прикріпилися до коренів (рис. 2).

Mykolaivska, and Kharkivska Oblasts) was used. The cultivation temperature was 24-28°C; the relative humidity of air was approximately 70%. Full-spectrum LED lamps were used for illumination. The laboratory experiments were carried out in 3 replications. The damage to plant roots by nodules was assessed on day 28 after the germination onset, when the number of nodules attached to the roots was counted on each plant (Fig. 2).

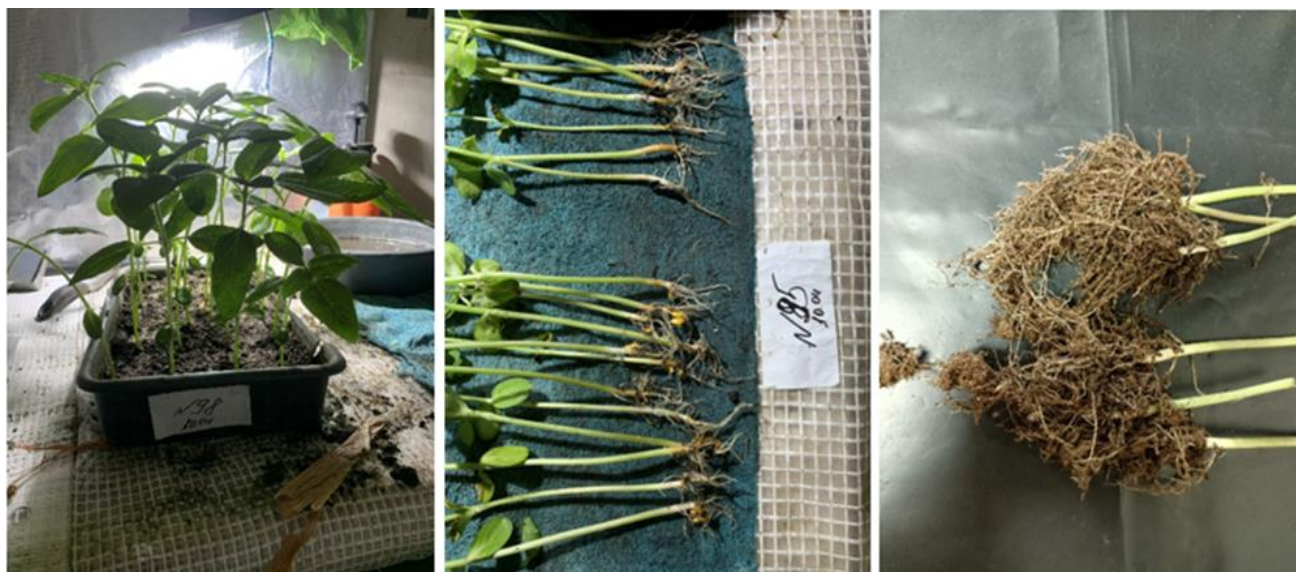


Рис. 2. Рослини соняшнику під час проведення оцінки ступеня ураження вовчком.

Fig. 2. Sunflower plants assessed for broomrape-inflicted damage.

У 2023 році вегетаційний період соняшнику проходив за умов підвищених температур (+2,3...+4,2 °C до норми влітку) та нерівномірного зволоження. Травень і червень були відносно сухими, тоді як у липні випало значно більше опадів, ніж зазвичай (+88,3 мм). Загалом кількість опадів за період вегетації культури перевищила норму на 18,9 мм.

У 2024 році спостерігалися критично високі температури й різкий дефіцит вологи. За весь період вегетації випало лише 92,1 мм опадів при нормі 275,1 мм, що спричинило тривалу ґрунтову та повітряну посуху. Найменше опадів зафіксовано у серпні та вересні (7,0 та 0 мм відповідно).

У 2025 році весняні умови були прохолоднішими від норми, а літо — відносно стабільним і помірно теплим. Оподи розподілялися більш рівномірно, однак травень і червень характеризувалися недостатнім зволоженням. У липні кількість опадів становила 78,3 мм, що на 12,8 мм вище

In 2023, the sunflower vegetation occurred at elevated temperatures (+2.3...+4.2 °C above the summer average) and uneven wetting. May and June were relatively dry, while in July there was significantly more precipitation than usual (+88.3 mm). In total, the amount of precipitation during the growing period of the crop exceeded the average by 18.9 mm.

In 2024, critically high temperatures and a sharp water deficit were recorded. During the entire growing period, only 92.1 mm of precipitation fell, compared to the average of 275.1 mm, which caused a prolonged soil and air drought. The least precipitation was recorded in August and September (7.0 and 0 mm, respectively).

In 2025, the spring was cooler than usual, and the summer was relatively stable and moderately warm. Precipitation was distributed more evenly, but May and June were characterized by insufficient wetting. In July, the amount of precipitation was 78.3 mm, which was

середнього багаторічного показника. Такі умови виявилися несприятливими для розвитку вовчка.

Статистичну обробку даних виконано в програмі PAST 4.17. Для характеристики досліджуваних зразків ліній було застосовано Network plot з використанням евклідових відстаней (Edge cutoff 90 %) та біплот-аналіз головних компонент (PC).[23].

Результати та обговорення

У таблиці 1 наведено комплексну агрономічну оцінку інбредних ліній соняшнику за середніми даними трирічних досліджень (2023–2025 рр.). Показники охоплюють основні морфологічні та продуктивні ознаки, що визначають господарську цінність селекційного матеріалу.

Висота інбредних ліній варіювала в межах 111–161 см, що свідчить про достатню різноманітність селекційного матеріалу за ступенем інтенсивності росту. Середнє значення становило $136 \pm 10,6$ см, а коефіцієнт варіації — 7,8 %, що вказує на помірну мінливість. Лінії із висотою у межах 150 см, такі як СД-047В, СД-014В, СД-032В можуть належати до інтенсивного морфотипу, тоді як лінії зі зниженою висотою наприклад, ХНАУ488В, СД-026В та СД-024В, є перспективними для створення низькорослих гібридів.

Показник кількості листків змінювався від 21 до 29 шт., з середнім значенням $25 \pm 2,2$ шт. та коефіцієнтом варіації 8,8%. Загалом спостерігається невисокий рівень мінливості, що характерно для інбредних ліній. Лінії з підвищеною кількістю листків наприклад СД-014В – $29 \pm 3,8$ шт., СД-018В – $29 \pm 2,8$ шт., СД-024В – $29 \pm 3,9$ шт., потенційно можуть забезпечувати інтенсивніше фотосинтетичне живлення суцвіть.

Ознака продуктивності мала найбільші варіювання — від 10,5 до 43,8 г, що підтверджується високим коефіцієнтом варіації (38,3 %). Середнє значення склало $24,3 \pm 9,3$ г. Значна частина досліджуваних ліній демонструє середній рівень продуктивності (20–30 г), тоді як окремі зразки виділяються підвищеною масою насіннєвої продукції: СД-047В – $43,0 \pm 12,2$, СД-029В – $36,6 \pm 1,6$, СД-018В – $36,1 \pm 18,2$, СД-032В – $36,1 \pm 3,2$ г. Це дозволяє вважати їх перспективними для використання як батьківські компоненти при створенні високоврожайних гібридів.

12.8 mm more than the multi-year average. Such conditions were unfavorable for the development of broomrape.

The data were statistically processed in PAST 4.17. To characterize the studied lines, network plots were constructed using Euclidean distances (Edge cutoff 90 %); PCA biplots were also used for visualization [23].

Results and Discussion

Table 1 summarizes agronomic assessments of the sunflower inbred lines, presenting three-year (2023–2025) mean values. The parameters cover the major morphological and productive traits, which determine the economic value of breeding materials.

The plant height of the inbred lines varied from 111 to 161 cm, indicating a sufficient diversity of the lines in terms of growth intensity. The mean height was 136 ± 10.6 cm, and the coefficient of variation was 7.8%, indicating moderate variability. Lines with a plant height of 150 cm, such as SD-047V, SD-014V, and SD-032V, may belong to the intensive morphotype, while lines with reduced plant height, such as KhNAU488V, SD-026V, and SD-024V, are promising for creating low hybrids.

The number of leaves varied from 21 to 29, with the mean of 25 ± 2.2 and coefficient of variation of 8.8%. In general, a low variability is observed, which is typical for inbred lines. Lines with an increased number of leaves, for example, SD-014V (29 ± 3.8), SD-018V (29 ± 2.8), and SD-024V (29 ± 3.9), can potentially provide more intensive photosynthetic nutrition of inflorescences.

The productivity was the most variable trait, ranging 10.5 to 43.8 g, which was confirmed by a high coefficient of variation (38.3 %). The mean was 24.3 ± 9.3 g. A lot of the studied lines demonstrated a medium productivity (20–30 g), while some lines stood out with increased seed weights: SD-047V (43.0 ± 12.2 g), SD-029V (36.6 ± 1.6 g), SD-018V (36.1 ± 18.2 g), and SD-032V (36.1 ± 3.2 g). This allowed us to consider them as promising parental components to create high-yielding hybrids.

Таблиця 1. Характеристика досліджуваних ліній за основними господарськими ознаками, середнє за 2023–2025 рр.

Table 1. Major economic characteristics of the inbred sunflower lines, mean for 2023–2025.

Лінія / Line	Висота рослини, см. / Plant height, cm	Кількість листків, шт. / Number of leaves	Продуктивність рослини, грам насіння / Plant productivity, g of seeds	Діаметр кошика, см. / Head diameter, cm	Маса 1000 насінин, г. / Thousand-seed weight, g	Рослина: галуження / Branching
СД-034В / SD-034V	126±14,3	23±3,6	20,7±8,7	10,5±0,4	48,3±1,7	Наявне / Yes
СД-047В / SD-047V	148±15,4	26±1,1	43,0±12,2	17,5±1,7	57,9±7,0	Відсутнє / No
СД-017В / SD-017V	141±16,1	22±2,9	23,4±4,0	15,1±2,0	47,0±6,5	Відсутнє / No
СД-054В / SD-054V	132±9,1	25±5,4	23,5±1,1	12,8±1,3	40,3±2,3	Наявне / Yes
СД-048В / SD-048V	135±16,4	24±4,0	18,5±8,9	11,9±1,8	28,6±1,8	Наявне / Yes
СД-016В / SD-016V	142±16,4	24±1,8	15,4±7,5	11,1±1,5	25,0±4,3	Наявне / Yes
СД-010В / SD-010V	137±12,1	26±0,6	37,0±6,3	15,6±2,7	59,3±8,0	Відсутнє / No
СД-038В / SD-038V	141±17,0	28±1,8	26,9±14,3	16,5±3,5	39,9±3,7	Відсутнє / No
СД-014В / SD-014V	161±14,9	29±3,8	41,4±7,9	18,2±2,9	54,9±11,5	Відсутнє / No
СД-059В / SD-059V	138±17,2	26±3,0	21,1±11,5	12,3±0,4	33,9±10,9	Наявне / Yes
СД-06В / SD-06V	130±17,4	24±4,1	15,4±7,8	10,9±1,3	29,6±7,0	Наявне / Yes
СД-057В / SD-057V	139±15,7	27±1,0	17,9±6,3	11,4±0,7	25,2±1,7	Наявне / Yes
СД-029В / SD-029V	138±9,7	25±2,8	36,6±1,6	15,0±0,9	66,8±11,4	Відсутнє / No
СД-049В / SD-049V	141±1,7	27±2,1	29,0±6,5	13,1±0,2	43,8±5,8	Наявне / Yes
СД-036 / SD-036	123±14,2	21±4,0	16,4±9,4	9,1±0,6	38,4±3,6	Наявне / Yes
ХНАУ488В / KhNAU488V	111±9,2	26±6,8	17,9±1,3	10,9±0,6	28,4±0,5	Наявне / Yes
СД-044В / SD-044V	136±6,8	26±3,6	20,1±3,6	12,6±3,4	37,2±5,1	Наявне / Yes
СД-051В / SD-051V	137±9,8	21±5,5	32,9±5,3	15,7±1,4	51,7±2,3	Відсутнє / No
СД-018В / SD-018V	135±16,4	29±2,8	36,1±18,2	19,3±4,6	51,9±14,3	Відсутнє / No
СД-055В / SD-055V	137±14,2	24±3,6	15,6±2,4	10,8±0,7	26,0±2,8	Відсутнє / No
СД-058-В / SD-058-V	143±13,6	25±3,1	31,3±4,1	12,5±0,6	34,8±1,8	Наявне / Yes
СД-039-В / SD-039-V	121±15,3	26±1,0	10,5±5,8	10,8±1,4	21,3±0,9	Наявне / Yes
СД-030В / SD-030V	140±2,0	23±0,3	13,3±7,0	10,7±0,2	29,9±3,0	Наявне / Yes
СД-02В / SD-02V	137±8,4	27±2,7	19,0±7,9	10,6±0,9	25,6±4,2	Наявне / Yes
СД-024В / SD-024V	121±14,4	29±3,9	20,4±2,4	11,4±0,9	32,6±1,3	Наявне / Yes
СД-026В / SD-026V	119±4,4	26±3,2	16,6±0,3	12,9±0,8	31,9±1,7	Наявне / Yes
СД-032В / SD-032V	153±3,5	27±0,5	36,1±3,2	15,2±0,5	49,7±2,3	Наявне / Yes
Min	111	21	10,5	9,1	21,3	
Max	161	29	43,0	19,3	66,8	
Std. error	2,0	0,4	1,8	0,5	2,4	
Stand. dev	10,6	2,2	9,3	2,7	12,4	
Coeff. var	7,8	8,8	38,3	20,5	31,6	

Діаметр кошика варіював у межах 9,1–19,3 см, із середнім значенням 13,1±2,7 см та коефіцієнтом варіації 20,5 %. Значення в межах 11–13 см є типовими для більшості інбредних ліній, однак деякі генотипи характеризувалися високими показниками даної ознаки (СД-018В – 19,3±4,6 см, СД-014В – 18,2±2,9 см, СД-047В – 17,5±1,7 см та інші, що є потенційно важливою ознакою для підвищення продуктивності.

Маса 1000 насінин демонструвала суттєву мінливість серед досліджуваних ліній — від 21,3 до 66,8 г, середнє значення — 39,3±12,4 г, коефіцієнт варіації — 31,6 %. Лінії з високими

The head diameter varied within 9.1–19.3 cm, with the mean of 13.1±2.7 cm and coefficient of variation of 20.5%. Values of 11–13 cm are typical for most inbred lines; however, some genotypes had bigger heads (SD-018V – 19.3±4.6 cm, SD-014V – 18.2±2.9 cm, SD-047V – 17.5±1.7 cm, and others), which is a potentially important feature for increasing productivity.

The thousand-seed weight showed significant inter-line variability: from 21.3 to 66.8 g, with the mean of 39.3±12.4 g and coefficient of variation of 31.6%. Lines with

показниками маси 1000 насінин (СД-029В – 66,8±11,4 г, СД-047В – 57,9±7,0 г, СД-014В 54,9±11,5 г, СД-018В – 51,9±14,3 г), які можуть бути використані у селекції на крупноплідність, а враховуючи високі кореляційні зв'язки ($r=0,88$) з продуктивністю рослини, також і на підвищення урожайності відповідно, що підтверджується іншими дослідженнями [24–27].

Мережевий графік відображає структуру взаємозв'язків між інбредними лініями соняшнику на основі їх спорідненості (рис. 3). Кожен вузол відповідає окремій лінії, а ребра означають наявність прямого зв'язку між ними. Розмір вузлів пропорційний кількості їхніх зв'язків, що дозволяє визначити найбільш вагомі генетичні джерела.

У центрі мережі виділяється група ліній із найбільшою кількістю зв'язків – СД-057В, СД-016В, СД-048В, СД-018В та СД-055В. Вони формують структурне ядро мережі, посідають центральне положення та демонструють високу селекційну активність. Їхня взаємна зв'язаність свідчить про тісну участь у формуванні основних спільних селекційних ознак.

Навколо центральної групи простежуються локальні кластери, у яких вузли розташовані на коротких відстанях. Наприклад, у правій частині графіка компактний кластер утворюють лінії СД-048В, СД-016В та СД-010, що вказує на їхню генетичну та морфологічну спорідненість. У нижній частині мережі виділяється група, пов'язана з лініями СД-055В та СД-018В, що також мають посилені взаємні зв'язки.

Периферійні вузли, представлені на графіку меншими за розміром лініями (СД-026В, СД-024В, СД-034В, СД-047В, СД-017В, СД-054В, СД-049В, СД-036 та ін.), мають лише один або відсутні прямі зв'язки (рис. 3). Їхня віддаленість від центру свідчить про їхню вибіркову селекційну цінність.

Загалом, мережа характеризується асиметричним розподілом зв'язків, наявністю кількох споріднених генотипів та чітко вираженою кластерною структурою. Це вказує на неоднорідність селекційного матеріалу та домінування кількох генетично значимих ліній, які визначають основний напрям формування генофонду. Мережевий аналіз дозволяє ідентифікувати ці ключові генотипи та оцінити ступінь їхнього впливу на загальну структуру колекції інбредних ліній соняшнику (рис. 3).

high values of thousand-seed weight (SD-029V – 66.8±11.4 g, SD-047V – 57.9±7.0 g, SD-014V 54.9±11.5 g, SD-018V – 51.9±14.3 g) can be used in breeding for large fruits, and given a strong correlation ($r=0.88$) with plant productivity, also to increase yield, which is in agreement with other studies [24–27].

The network plot reflects the structure of relationships between inbred sunflower lines based on their relatedness (Fig. 3). Each node corresponds to an individual line, and the edges indicate the presence of a direct connection between them. The node size is proportional to the number of its connections, which allows for identification of the most important genetic sources.

In the network center, a group of lines with the largest number of connections stands out: SD-057V, SD-016V, SD-048V, SD-018V, and SD-055V. They form the structural core of the network, occupy a central position and demonstrate high breeding activity. Their mutual connectivity indicates close involvement in the formation of major common breeding traits.

Local clusters are traced around the central group; in them, nodes are located at short distances. For example, in the right part of the plot, a compact cluster is formed by lines SD-048V, SD-016V, and SD-010, suggesting their genetic and morphological relationships. In the lower part of the network, a group associated with lines SD-055V and SD-018V stands out, which also have enhanced mutual connections.

The peripheral nodes represented in the plot by smaller lines (SD-026V, SD-024V, SD-034V, SD-047V, SD-017V, SD-054V, SD-049V, SD-036, etc.) have only one or no direct connections (Fig. 3). Their remoteness from the center indicates their selective breeding value.

In general, the network is characterized by an asymmetric distribution of connections, the presence of several related genotypes and a clear cluster structure. This indicates the heterogeneity of the breeding material and the dominance of several genetically significant lines, which determine the main direction of gene pool formation. Network analysis allowed us to identify these key genotypes and to evaluate their influence on the overall structure of this collection of the sunflower inbred lines (Fig. 3).

генів вертикальної стійкості та вказує на високу чутливість кореневої системи до індукції проростання насіння вовчка і наступного проникнення гаусторії. Такі лінії можуть бути корисними як контрастний матеріал у генетичних дослідженнях, але не становлять безпосередньої селекційної цінності для створення стійких гібридів до вовчка.

Однак, низка інбредних ліній продемонструвала знижену сприйнятливості та наявність окремих неуражених рослин, що свідчить про прояв кількісних компонентів резистентності. Лінії СД-06В, СД-057В, СД-02В, СД-030В, СД-017В, СД-054В та СД-048В характеризувалися часткою неуражених рослин у межах 80–90%. У цих генотипів реєстрували як випадки повної відсутності проникнення паразита, так і окремі прикріплення бульбочок, кількість яких варіювала від кількох одиниць до понад 60. Подібна неоднорідність реакції може бути зумовлена дією полігенних локусів, що контролюють ранні етапи взаємодії з паразитом, включаючи інгібування проростання насіння вовчка, формування фізіологічних бар'єрів у місці контакту та обмеження росту гаусторіальної системи, що зокрема відзначалося й іншими дослідниками [7, 9, 10]. Виявлені генотипи потенційно можуть бути використані для добору більш стабільних рекомбінантів у наступних поколіннях комбінативної селекції з ними.

На окрему увагу заслуговують лінії, що демонстрували мінімальну кількість бульбочок на кореневій системі. Зокрема, для СД-038В зафіксовано лише 2 гаусторії у повторенні, хоча частка неуражених рослин була невисокою (11 %). Лінії СД-029В та СД-049В мали 11 та 13 бульбочок відповідно та частку неуражених рослин 23–28 %, що вказує на більш збалансований прояв кількісної резистентності. Такі генотипи можуть містити рідкісні *QTL*, пов'язані зі зменшенням життєздатності бульбочок або порушенням їх розвитку після прикріплення. На відміну від класичних генів *Or*, кількісний тип стійкості характеризується ширшим спектром дії та більшою стабільністю в умовах еволюційно мінливих популяцій паразита.

Загалом структура резистентності колекції має двопіковий характер: більшість ліній демонструють повну сприйнятливості, тоді як окрема група характеризується вираженим зниженням інтенсивності паразитування. Це свідчить про успішне формування контрастної вибірки, придатної для селекційно-генетичних

sensitivity of the root system to the induction of germination of broomrape seeds and subsequent penetration of haustoria. Such lines may be useful as contrast materials in genetic studies, but are not of direct breeding value for the creation of broomrape-resistant hybrids.

However, some inbred lines demonstrated reduced susceptibility, with some of their plants remained unaffected, indicating the presence of quantitative components of resistance. In lines SD-06V, SD-057V, SD-02V, SD-030V, SD-017V, SD-054V, and SD-048V, the percentage of unaffected plants was 80–90%. In these genotypes, both cases of complete absence of parasite penetration and individual nodule attachments were recorded, and the number of attached nodules varied from several nodules to >60. Such heterogenic reaction may be explained by action of polygenic loci that control the early stages of interaction with the parasite, including inhibition of broomrape seed germination, formation of physiological barriers at contact sites, and suppression of haustorial growth, which was also noted by other researchers [7, 9, 10]. The identified genotypes can potentially be used for the selection of more resistant recombinants in subsequent generations of combinatorial breeding.

Lines with minimum numbers of nodules on their roots are worth special attention. In particular, SD-038B only had 2 haustoria (this observation was repeated), although the proportion of unaffected plants was low (11%). SD-029B and SD-049B had 11 and 13 nodules, respectively, and the percentage of unaffected plants was 23–28%, suggesting a more balanced quantitative resistance. Such genotypes may carry rare *QTL* associated with decreased viability of nodules or disorders of their development after attachment. Unlike the classical *Or* genes, quantitative resistance is characterized by a wider range of action and greater stability in evolutionarily variable populations of the parasite.

In general, the collection's resistance structure had two peaks: most lines demonstrate full susceptibility, while some of the lines were characterized by a pronounced decrease in the parasitism intensity. This confirms that a contrasting sample that is suitable for breeding and genetic studies has been successfully

досліджень. Особливо цінними є лінії з низьким рівнем ураження бульбочками, оскільки вони можуть відігравати ключову роль у створенні гібридів зі стабільною та расонеспецифічною резистентністю до *Orobanche cumana* (табл. 2).

firmed. Lines with low nodule-inflicted damage are especially valuable, as they can play a key role in creating hybrids with stable and race-specific resistance to *O. cumana* (Table 2).

Таблиця 2. Лабораторна оцінка стійкості ліній соняшнику до вовчка.

Table 2. Laboratory assessment of the sunflower lines' resistance to broomrape.

Лінія / Line	Кількість проаналізованих рослин, шт. / Number of assessed plants	Кількість уражених рослин бульбочками, шт. / Number of affected plants (with nodules)	Кількість неуражених рослин, шт. / Number of unaffected plants	Відсоток уражених рослин / Percentage of affected plants	Середня кількість бульбочок в повторенні, шт. / Mean number of nodules per plant
СД-034В / SD-034V	57	57	0	100%	>100
СД-047В / SD-047V	43	33	0	100%	>100
СД-017В / SD-017V	54	48	6	89%	65
СД-054В / SD-054V	57	51	6	89%	>100
СД-048В / SD-048V	51	45	6	88%	>100
СД-016В / SD-016V	42	42	0	100%	>100
СД-010В / SD-010V	60	60	0	100%	>100
СД-038В / SD-038V	54	6	48	11%	2
СД-014В / SD-014V	48	48	0	100%	>100
СД-059В / SD-059V	60	60	0	100%	>100
СД-06В / SD-06V	60	48	12	80%	>100
СД-057В / SD-057V	60	54	6	90%	>100
СД-029В / SD-029V	50	9	30	23%	11
СД-049В / SD-049V	54	15	39	28%	13
СД-036 / SD-036	54	54	0	100%	>100
ХНАУ488В / KhNAU488V	54	54	0	100%	>100
СД-044В / SD-044V	39	39	0	100%	>100
СД-051В / SD-051V	48	48	0	100%	>100
СД-018В / SD-018V	60	60	0	100%	>100
СД-055В / SD-055V	45	45	0	100%	>100
СД-058-В / SD-058-V	39	39	0	100%	>100
СД-039-В / SD-039-V	54	33	21	61%	>100
СД-030В / SD-030V	45	36	9	80%	>100
СД-02В / SD-02V	45	39	6	87%	>100
СД-024В / SD-024V	57	57	0	100%	>100
СД-026В / SD-026V	54	54	0	100%	>100
СД-032В / SD-032V	54	42	12	78%	46

Біплот-аналіз головних компонент (PCA), проведений на основі комплексу морфологічних ознак та продуктивності інбредних ліній соняшнику, дозволив виявити просторову диференціацію генотипів та визначити основні ознаки, що формують їх варіабельність. Перші дві головні компоненти сумарно пояснили більшу частку загальної дисперсії, що становила 85 % (PC 1 – 51,3 %, PC 2 – 31,9 %), що підтверджує інформативність використаних показників та дозволяє інтерпретувати просторове розташування ліній у двовимірному просторі (рис. 4).

The PCA biplot constructed for the morphological traits and productivity of the inbred sunflower lines allowed us to visualize spatial differentiation of the genotypes and to determine major traits that shape their variability. Principal components 1 and 2 together explained the largest share (85%) of the total variance (PC 1 – 51.3%, PC 2 – 31.9%), confirming the informativeness of the used parameters and allowing us to interpret the spatial arrangement of the lines in two-dimensional space (Fig. 4).

Перша головна компонента (PC 1) асоціювалася переважно з продуктивними ознаками — діаметром кошика, масою 1000 насінин та продуктивністю кошика. Вектори цих змінних орієнтовані у напрямку позитивних значень осі PC1, що свідчить про їхній спільний внесок у формування високопродуктивного морфотипу. Лінії СД-047В, СД-014В та СД-029В розміщені у цій частині графіка, що підтверджує їхні підвищені показники маси насіння та продуктивності.

Друга головна компонента (PC 2) демонструє зв'язок переважно з ознаками, що характеризують стійкість до вовчка, зокрема з кількістю уражених бульбочками рослин. Вектор цієї ознаки спрямований у верхню частину біплату, що вказує на позитивний внесок високого рівня ураження бульбочками у варіабельність PC2. Генотипи з високою інтенсивністю паразитування (наприклад, СД-010В, СД-018В) зміщені у напрямку цього вектора, тоді як частково стійкі лінії (СД-038В, СД-029В, СД-049В) розташовані віддалено від нього, що узгоджується з їх низькою кількістю бульбочок у лабораторному аналізі.

Principal component 1 (PC 1) was associated mainly with productive traits: head diameter, thousand-seed weight, and head productivity. The vectors of these variables are oriented towards positive values of the PC1 axis, indicating their joint contribution to the formation of a highly productive morphotype. SD-047B, SD-014B, and SD-029B are located in this part of the plot, confirming their increased seed weight and productivity.

Principal component 2 (PC 2) are mainly related to parameters characterizing resistance to broomrape, in particular to the number of affected plants with nodules. The vector of this parameter is directed towards the upper part of the biplot, indicating a positive contribution of high levels of nodule-caused damage to the PC2 variability. The genotypes with high parasitism intensity (e.g., SD-010B, SD-018B) are shifted towards this vector, while the partially resistant lines (SD-038B, SD-029B, SD-049B) are located away from it, which is consistent with low numbers of nodules on their plants in the laboratory test.

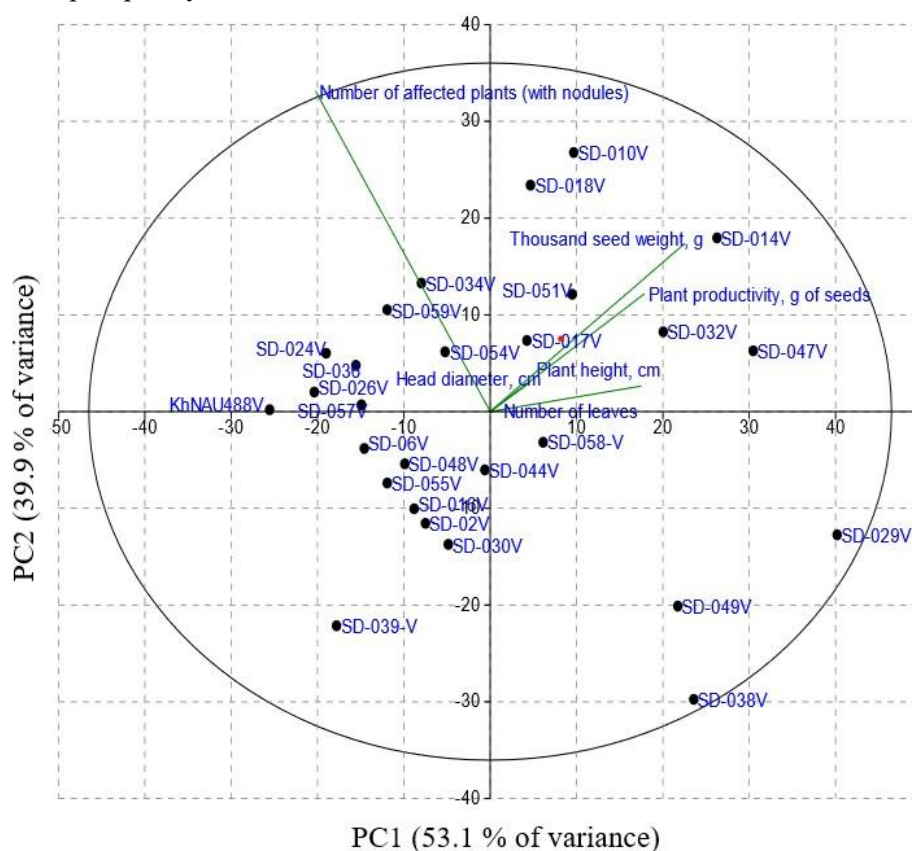


Рис. 4. Біплат-аналіз головних компонент (PCA) морфологічних ознак та продуктивності інбредних ліній соняшнику.

Fig. 4. PCA biplot of the morphological traits and productivity of the inbred sunflower lines
Line names are given in the original language.

Розташування ліній у центральній частині біплоту, таких як СД-048В, СД-055В, СД-044В та ХНАУ488В, свідчить про середні значення продуктивних та морфологічних ознак, а також відсутність чіткої диференціації за параметрами резистентності. Такі генотипи формують групу з відносно збалансованими характеристиками, без яскраво виражених переваг чи недоліків.

Важливо відзначити, що лінії з підвищеною продуктивністю та збільшеним діаметром кошика (СД-014В, СД-047В) не збігаються за розташуванням із лініями, які показали нижчу інтенсивність ураження вовчком (СД-038В, СД-029В, СД-049В). Це підтверджує незалежний характер формування продуктивності та стійкості до паразита, що відповідає відомим літературним даним про слабкий кореляційний зв'язок між цими групами ознак (рис. 4).

Висновки

У результаті комплексного вивчення інбредних ліній соняшнику різного еколого-генетичного походження встановлено значну мінливість за морфометричними, продуктивними та адаптивними ознаками, а також за рівнем стійкості до вовчка (*Orobancha cumana*). Лабораторна оцінка резистентності дала змогу виокремити три типи реакції на ураження паразитом: повну сприйнятливість, часткову (кількісну) стійкість та низькоінтенсивне ураження, що може свідчити про наявність полігенних механізмів пригнічення розвитку паразита. Жодної лінії з ознаками якісної (вертикальної) резистентності, притаманної генам *Or*, не виявлено.

Біплот-аналіз і PCA на основі продуктивних та адаптивних параметрів дозволили встановити просторову диференціацію генотипів і визначити ключові ознаки, які формують фенотипове різноманіття. Продуктивність рослин та маса 1000 насінин були тісно асоційовані з першою головною компонентою, тоді як інтенсивність ураження вовчком – з другою. Кластеризація підтвердила відсутність зв'язку між продуктивністю та стійкістю до паразита, що свідчить про незалежний характер спадковості цих ознак.

У ході дослідження виділено низку інбредних ліній, перспективних для використання у селекції. Найвищий рівень кількісної стійкості показали лінії СД-038В, СД-

The location of the lines, such as SD-048V, SD-055V, SD-044V, and KkNAU488V, in the central part of the biplot indicates medium values of productive and morphological traits as well as the absence of clear differentiation in terms of resistance parameters. Such genotypes form the group with relatively balanced characteristics, without pronounced advantages or disadvantages.

It is important to note that the lines with increased productivity and increased head diameter (SD-014V, SD-047V) do not coincide in location with the lines that showed a lower intensity of broomrape-caused damage (SD-038V, SD-029V, SD-049V). This confirms that productivity and resistance to the parasite are formed independently, which corresponds to available literature data on weak correlations between these characteristics (Fig. 4).

Conclusions

This comprehensive study of the inbred sunflower lines of different ecological and genetic origins demonstrated a significant variability in the morphometric, productive and adaptive traits as well as in resistance to *O. cumana*. The laboratory assessment of resistance made it possible to distinguish three types of reaction to the parasite: full susceptibility, partial (quantitative) resistance, and mild damage, which may indicate polygenic mechanisms of inhibition of the parasite development. No line with signs of qualitative (vertical) resistance inherent in the *Or* genes was found.

Biplot analysis and PCA of the productive and adaptive parameters allowed us to describe spatial differentiation of the genotypes and identify key traits that are responsible for phenotypic diversity. Plant productivity and thousand-seed weight were closely associated with PC 1, while broomrape-inflicted damage intensity was closely associated with PC 2. Clustering confirmed the absence of a relationship between productivity and resistance to the parasite, indicating the independent nature of inheritance of these traits.

During the study, several inbred lines that are promising for breeding were identified. The highest level of quantitative resistance was recorded for SD-038V, SD-029V, and SD-049V, as these lines were characterized by a low

029В та СД-049В, які характеризувалися низькою інтенсивністю утворення бульбочок. У лініях СД-017В, СД-048В, СД-057В, СД-02В траплялися окремі стійкі рослини, що вказує на доцільність внутрішньолінійного добору. Генотипи з високою продуктивністю (СД-047В, СД-014В, СД-029В) можуть бути використані як джерела господарсько цінних ознак для гібридизації.

Отримані результати розширюють інформацію про мінливість інбредних ліній соняшнику та дозволяють сформувати наукове підґрунтя для створення високопродуктивних та більш стійких до *Orobanche cumana* гібридів у майбутніх селекційних програмах.

intensity of nodule formation. In SD-017V, SD-048V, SD-057V, and SD-02V, individual resistant plants were found, suggesting the feasibility of intra-line selection. The highly productive genotypes (SD-047V, SD-014V, SD-029V) can be used as sources of economically valuable traits for hybridization.

These results expand the information on the variability of sunflower inbred lines and allow shaping a scientific basis for the creation of highly productive and more *O. cumana*-resistant hybrids in further breeding programs.

References

1. Louarn J., Boniface M.C., Pouilly N., Velasco L., Pérez-Vich B., Vincourt P., Muñoz S. Sunflower resistance to broomrape (*Orobanche cumana*) is controlled by specific QTLs for different parasitism stages. *Front. Plant Sci.* 2016. Vol. 7. P. 590. <https://doi.org/10.1186/s13007-025-01383-8>.
2. Che Y., Zhang C., Xing J., Xi Q., Shao Y., Zhao L., Zuo Y. Machine learning-based identification of resistance genes associated with sunflower broomrape. *Plant Methods.* 2025. Vol. 21(1). P. 62. <https://doi.org/10.1186/s13007-025-01383-8>.
3. Bilyk V.V., Chuiko D.V. Broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.): developmental biology, distribution and selection of sunflower for resistance. *Visnyk Sumskoho Natsionalnoho Ahrarnoho Universytetu.* 2025. Vol. 59(1). P. 22–30. <https://doi.org/10.32782/agrobio.2025.1.4>. [in Ukrainian].
4. Cvejić S., Radanović A., Dedić B., Jocković M., Jocić S., Miladinović D. Genetic and genomic tools in sunflower breeding for broomrape resistance. *Genes.* 2020. Vol. 11(2). P. 152.
5. Pubert C., Boniface M.C., Legendre A., Chabaud M., Carrère S., Callot C., Muñoz S. A cluster of putative resistance genes is associated with a dominant resistance to sunflower broomrape. *Theor. Appl. Genet.* 2024. Vol. 137(5). P. 103.
6. Velasco L., Pérez-Vich B., Fernández-Martínez J.M. Research on resistance to sunflower broomrape: an integrated vision. *OCL.* 2016. Vol. 23(2). P. D203. <https://doi.org/10.1051/ocl/2016002>.
7. Calderón-González Á., Pérez-Vich B., Pouilly N., Boniface M.C., Louarn J., Velasco L., Muñoz S. Association mapping for broomrape resistance in sunflower. *Front. Plant Sci.* 2023. Vol. 13. P. 1056231. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1056231>.
8. Louarn J., Boniface M.C., Pouilly N., Velasco L., Pérez-Vich B., Vincourt P., Muñoz S. Sunflower resistance to broomrape (*Orobanche cumana*) is controlled by specific QTLs for different parasitism stages. *Front. Plant Sci.* 2016. Vol. 7. P. 590. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00590>.
9. Sisou D., Tadmor Y., Plakhine D., Ziadna H., Hübner S., Eizenberg H. Biological and transcriptomic characterization of pre-haustorial resistance to sunflower broomrape (*Orobanche cumana* W.) in sunflowers. *Plants.* 2021. Vol. 10(9). P. 1810. <https://doi.org/10.3390/plants10091810>.
10. Fernández-Aparicio M., Del Moral L., Muñoz S., Velasco L., Pérez-Vich B. Genetic and physiological characterization of sunflower resistance provided by the wild-derived Or Deb2 gene against highly virulent races of *Orobanche cumana* Wallr. *Theor. Appl. Genet.* 2022. Vol. 135(2). P. 501–525. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03979-9>.
11. Dimitrijevic A., Horn R. Sunflower hybrid breeding: from markers to genomic selection. *Front. Plant Sci.* 2018. Vol. 8. P. 2238. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.02238>.
12. Seiler G.J. Genetic resources of the sunflower crop wild relatives for resistance to sunflower broomrape. *Helia.* 2019. Vol. 42(71). P. 127–143. <https://doi.org/10.1515/helia-2019-0012>.
13. Seiler G.J., Jan C.C. Wild sunflower species as a genetic resource for resistance to sunflower broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.). *Helia.* 2014. Vol. 37(61). P. 129–139. <https://doi.org/10.1515/helia-2014-0013>.
14. Terzić S., Dedić B., Atlagić J., Jocić S., Tančić S. Screening wild sunflower species and F1 interspecific hybrids for resistance to broomrape. *Helia.* 2010. Vol. 33(53). P. 25–30. <https://doi.org/10.2298/hel1053025t>.

15. Popov V.M., Tereniak Y.M., Akinina H.E., Sharypina Y.Yu., Dolhova T.A., Kyrychenko V.V. Detection of the *Or5* gene for resistance to sunflower broomrape using a SCAR marker RTS05. *Fakty Eksperymentalnoi Evolutsii Orhanizmiv*. 2015. Vol. 17. P. 330–332. [in Ukrainian].
16. Kurylych D.V., Makliak K.M. Inheritance of resistance of common sunflower (*Helianthus annuus* L.) to broomrape race F. *Visnyk Sumskoho Natsionalnoho Ahrarnoho Universytetu*. 2024. Vol. 58 (4). P. 57–63. <https://doi.org/10.32782/agrobio.2024.4.9>. [in Ukrainian].
17. Brahyn O.M., Chuiko D.V. Methods for increasing productivity of sunflower lines and other agricultural crops using growth regulators. *Visnyk KhNAU*. 2019. (1). P. 107–117. [in Ukrainian].
18. Burlov V.V. Effectiveness of *Or* genes in ensuring sunflower resistance to new races of broomrape (*Orobancha cumana* Wallr.). *Selektsiia i Nasinnystvo*. 2010. (98). P. 28–37. <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2010.70221>. [in Ukrainian].
19. Zhatov O.H., Zhatova H.O. Sources and methods of creating sunflower starting materials. *Visnyk Sumskoho Natsionalnoho Ahrarnoho Universytetu*. 2012. (9). P. 133–136. [in Ukrainian].
20. Chuiko D.V. Evaluation of sunflower starting material for breeding-valuable traits. *Selektsiia i Nasinnystvo*. 2022. (121). P. 6–14. <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2022.260986>
21. Volkodav V.V. Methods of state trials of agricultural crop varieties. Kyiv: Derzhavna Komisiia Yurainy po Vyprobuvannuu ta Okhoroni Sortiv Roslyn, 2000. 100 c. [in Ukrainian].
22. Ermantraut E.R., Hoptsi T.I., Kryvoruchenko R.V., Turchynova N.P., Chuiko D.V., Lymanska S.V., Hudym O.V., Kravchenko A.I. Methods of breeding experiments (in plant production). Kharkiv: Biotekhnika, 2025. 348 p. [in Ukrainian].
23. Hammer Ø., Harper D.A. Past: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron*. 2001. Vol. 4(1). P. 1.
24. Sipio W.D., Sahar W.A., Abro T.F., Keerio J.M., Sipio N., Unar I.H., Kakar B.K. The correlation and regression analysis in different genotypes of sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Pak. J. Biotechnol*. 2024. Vol. 21(1). P. 172–177. <https://doi.org/10.34016/pjbt.2024.21.01.893>.
25. Lakshman S.S., Chakraborty N.R., Debnath S., Kant A. Genetic variability, character association and divergence studies in sunflower (*Helianthus annuus* L.) for improvement in oil yield. *Afr. J. Biol. Sci*. 2021. Vol. 3(1). P. 129–145. <https://doi.org/10.33472/AFJBS.3.1.2021.129-145>.
26. Delen Y., Palali-Delen S., Xu G., Neji M., Yang J., Dweikat I. Dissecting the genetic architecture of morphological traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Genes*. 2024. Vol. 15(7). P. 950. <https://doi.org/10.3390/genes15070950>.
27. Chuiko D.V., Kyrychenko V.V., Bilyk V.V. Agrobiological evaluation of sunflower hybrids in Eastern Ukraine. *Selektsiia i Nasinnystvo*. 2025. (127). P. 56–67. <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2025.333766>.
28. Special breeding and seed production of field crops: guidebook/ ed. by V. V. Kyrychenko. NAAS. Kharkiv: IR im. V. Ya. Yurieva, 2010. 462 p. [in Ukrainian].

Надійшла до редакції 21.11.2025 р.; переглянуто 27.11.2025 р.; прийнято до друку 02.12.2025 р.
Received November 21, 2025; revised November 27, 2025; accepted December 02, 2025