

СЕЛЕКЦІЯ, НАСІННИЦТВО

УДК 633.51:631.56 (477.7)

DOI <https://doi.org/10.32848/0135-2369.2026.85.18>

СТУПІНЬ ФЕНОТИПОВОГО ДОМІНУВАННЯ І ГЕТЕРОЗИС ЗА ВИСОТОЮ РОСЛИН У ГІБРИДІВ БАВОВНИКУ ПЕРШОГО ПОКОЛІННЯ F₁

БОРОВИК В.О. – доктор сільськогосподарських наук,

старший науковий співробітник

orcid.org/0000-0003-0705-2105

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства

Національної академії аграрних наук України,

Одеська державна сільськогосподарська дослідна станція

Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства

Національної академії аграрних наук України

МАЛЬЦЕВА О.П. – аспіранткаorcid.org/0009-0009-1002-8924

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства

Національної академії аграрних наук України

Постановка проблеми. Архітектура рослин бавовнику є ключовим фактором, що впливає на її врожайність та ефективність механізованого вирощування. У основних сільськогосподарських культурах структура рослин суттєво впливає на методи вирощування, стратегії управління та ефективність механізованого збору врожаю. Високі культури часто більш вразливі до вилягання за екстремальних погодних умов, таких як сильний вітер, що ускладнює механізований збір врожаю. Навпаки, карликові сорти, зазвичай, демонструють міцніші стебла, стійкість до вилягання та більшу толерантність до добрив, що дозволяє отримувати вищі врожаї за густих умов посадки [1]. Висота рослин бавовнику (*Gossypium spp.*) є критично важливою ознакою, що впливає на врожайність, стійкість до вилягання та загальну структуру рослини. Хоча висота рослин значно варіюється між сортами бавовнику, її генетична основа залишається погано вивченою.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Кількісні та якісні ознаки врожайності є визначальними у селекційних програмах бавовнику, оскільки вони безпосередньо впливають на формування кінцевої цінності продукції [2]. Для деяких культур вторинні ознаки мають селекційну цінність лише за умови їх поєднання з високою продуктивністю. Тому важливим завданням є ідентифікація генотипів, які поєднують високий рівень продуктивності з іншими господарсько цінними ознаками, а не добір за окремими показниками [3, 4]

Отже, у селекції бавовнику, де метою програм є одночасне поліпшення кількох ознак, доцільно застосовувати методологічні підходи, що передбачають використання багатовимірної аналізи для комплексної оцінки та відбору перспективних генотипів [5, 6].

Результати досліджень Huang X. та інших авторів довели, що у бавовнику сорту Upland (*Gossypium hirsutum* L.) висота рослини визначається головним чином кількістю та довжиною міжвузлів головного стебла, але вона може бути суттєво змінена шляхом варіації вузла на головному стеблі, де вперше починаються плодові гілки [7].

Miao L. та інші науковці вважають ознаку «висота» рослин кількісною з плейотропними ефектами, на яку впливають генетична варіація та вплив навколишнього середовища [8].

Автором Quisenberry J. E. встановлено, що висота рослини пов'язана з кількістю вузлів головного стебла ($r = 0,57$), довжиною міжвузля головного стебла ($r = 0,88$) та вузлом першої плодової гілки ($r = 0,38$) [9].

На сьогоднішній день приділяється також багато уваги розумінню генетичних регуляторних механізмів, що впливають на висоту рослин. Вони є фундаментальними для розвитку селекції бавовнику. Виявлені гени-кандидати, які можуть відігравати ключову роль у регуляції висоти рослин бавовнику, сприяють розумінню молекулярних процесів, що лежать в основі формування цієї ознаки, та надають цінні орієнтири для виведення нових сортів бавовнику з оптимізованою висотою рослин [10].

Однак у ряду науковців існує думка, що на гени, які відіграють важливу роль у визначенні структури рослини, можуть впливати багато екзогенних факторів, таких як світло, температура, вологість та стан живлення рослин [11 -13].

Wu H. та інші дослідники вважають висоту рослин важливою ознакою архітектури бавовнику, яка може бути оптимізована різними шляхами, у тому числі збільшенням густоти посіву, тим самим покращуючи ефективність та врожайність механізованого збору бавовнику [14]. Автори Huang X. та інші також

стверджують, що зміна періоду цвітіння може підвищити екологічну адаптивність рослин, а зміна архітектури рослин може оптимізувати спосіб сівби. Тому період цвітіння та ознаки архітектури рослин є важливими цілями генетичного вдосконалення сільськогосподарських культур [15].

Висота рослин є одним із ключових чинників, що визначають їх архітектуру. На думку Реі Х та співавторів, її оптимальні показники повинні становити 80–90 см, оскільки такі параметри забезпечують стійкість до вилягання та придатність до механізованого збирання врожаю [16].

Селекція за архітектурою рослин може ефективно збільшити врожайність бавовни та покращити якість волокна, тим самим впливаючи на економічне виробництво бавовнику [17–20].

Селекція – один із самих ефективних способів, що дозволяє отримувати рослини бавовнику з оптимальною висотою. Ця високоефективна система польового фенотипування суттєво розширює можливості збору якісних фенотипових даних із великих популяцій, допомагаючи усунути розрив між великими обсягами генотипових даних і обмеженістю польових фенотипових спостережень, а також сприяє поєднанню генотипових і фенотипових досліджень для створення сортів бавовнику з оптимальною висотою рослин [21, 22].

Тому дослідження успадкування висоти рослин бавовнику є важливим і актуальним [23, 24].

Матеріали та методи досліджень. Досліди проводили на полях селекційної сівозміни відділу селекції Інституту кліматично орієнтованого сільськогосподарства НААН впродовж 2022–2025 рр. Предметом досліджень слугували колекційні зразки бавовнику різних груп стиглості та гібридний матеріал.

Агротехнічні умови проведення досліджень відповідали загальноприйнятим для зони Південного Степу України. Досліди закладали на темно-каштанових середньосуглинкових слабосолонцюватих ґрунтах. Попередником була озима пшениця. Під передпосівну культивування вносили аміачну селітру в нормі 1 ц/га. Сівбу проводили у першій декаді травня за умови прогрівання ґрунту на глибині 5 см до 18–20 °С.

Зразки колекційного розсадника висівали однорядковими ділянками довжиною 3 м, гібридного – 5 м. Відстань між рослинами в рядку становила 15 см, досліди закладали без повторень. У колекційному розсаднику через кожні дев'ять зразків розміщували стандарт – районований сорт бавовнику Дніпровський 5 селекції Інституту кліматично орієнтованого сільськогосподарства НААН; у гібридному розсаднику – батьківські форми.

Упродовж вегетаційного періоду проводили два поливи з нормою 400–500 м³/га. Погодні умови в роки досліджень були типовими для Південного Степу України, що забезпечило об'єктивну оцінку колекційного матеріалу та виділення кращих зразків за господарсько цінними ознаками.

Схрещування здійснювали за загальноприйнятною методикою з кастрацією та ізоляцією бутонів

напередодні цвітіння і штучним запиленням квіток у день їх розкриття.

Оцінку за ознаками проводили у 10 постійно закріплених зразків за методикою Державної комісії по сортовипробуванню сільськогосподарських культур [25]. Морфологічний опис, класифікацію за господарськими властивостями робили згідно «Широкого уніфікованого класифікатора – довідника роду *Gossypium hirsutum* L.» [26]. Статистичний аналіз експериментальних даних здійснювали згідно Методики польових і лабораторних досліджень на зрошуваних землях за редакцією Р.А. Вожегової [27].

Матеріалом досліджень слугували батьківські форми бавовнику зразків 500у, 502у, К9 – української селекції, Уічу 2, Л 104, 1068(94), КК 1083 – узбекської, Македонка, Т 073 – румунської, А2 – югославської, Tomcot 1074 і Acala 546-ch-1 з США, Аргентина 2 – з Аргентини, Огоста – з Болгарії, тобто, зразки середньо волокнистого бавовнику виду *G. hirsutum* L. та їх гібридні комбінації. Проводився порівняльний морфологічний аналіз гібридних рослин, фенологічні спостереження.

У рослин F₁ ступінь домінантності (hp) за ознакою «висота» рослин визначали за формулою запропонованою В. Griffi ng [28].

гіпотетичний hp (%) = (F₁ – MP) / MP * 100,

істинний hp (%) = (F₁ – BP) / BP * 100,

де hp-коефіцієнт домінування;

MP – середнє арифметичне значення показника обох батьківських форм;

F₁ – середнє арифметичне значення ознаки у гібрида;

BP – найвищий прояв ознаки одного з батьків.

У першому гібридному поколінні спостерігалось успадкування ознак, яке виражалось у наступному порядку [29]:

hp = 0 – випадок домінування не спостерігався;

0 < hp < 1 – часткове домінування;

hp = 1 – повне домінування;

hp > 1 – наддомінування або гетерозис.

hp < 1 від'ємне над домінування або депресія.

Вивчались батьківські форми та показники висоти гібридних рослин у розсаднику F₁. Для схрещування підбирались батьківські форми, які значною мірою відрізнялись за цією ознакою. Визначали ступінь гетерозису та ступінь домінування досліджуваної ознаки.

Метою дослідження було встановити особливості успадкування ознаки «висота рослини» у гібридів першого покоління (F₁) бавовнику (*Gossypium hirsutum* L.), а також оцінити гібридні комбінації з метою виявлення генотипів із найбільш вираженим проявом гетерозису за цією ознакою.

Результати дослідження. У результаті аналізу гібридів першого покоління (F₁) за ознакою «висота рослин» встановлено значну мінливість показників залежно від гібридної комбінації та напряму схрещування.

Висота рослин у F₁ варіювала від 60,9 до 84,2 см, що свідчить про суттєву генетичну різномірність досліджуваного матеріалу.

Розрахунок гетерозису показав різноспрямований характер прояву ознаки: гіпотетичний гетерозис

Таблиця 1 – Ступінь фенотипового домінування (hp) і гетерозис за висотою рослин у гібридів першого покоління F₁

Гібридна комбінація	Висота рослин, см			Гетерозис, %		Ступінь фенотипового домінування		
	♀	♂	F ₁	гіпотетичний hp	встинний hp	hp	ступінь	тип успадкування
500y/A2	62,8	68,9	71,1	7,97	3,19	1,72	>1	НД
A2/500y	68,9	62,8	60,9	-7,52	-11,61	-1,62	<-1	ВГ
500y/T 073	62,8	70,4	70,9	6,46	0,71	1,13	>1	НД
T 073/500y	70,4	62,8	61,9	-7,06	-12,7	-1,24	<-1	ВГ
K9/Македонка 21	62,0	75,1	69,2	0,95	-7,86	0,10	0<hp<1	ЧПД
Македонка 21/K9	75,1	62,0	72,0	5,03	-4,13	0,53	0<hp<1	ЧПД
500y/ Македонка 21	62,8	75,1	67,9	1,52	-9,59	-0,17	-1<hp<0	ЧВД
500y/ КК1083	62,8	86,0	74,4	-0,54	-13,95	-0,05	-1<hp<0	ЧВД
500y/ Аргентина 2	62,8	92,4	77,6	5,67	-11,26	0,38	0<hp<1	ЧПД
500y/ Acala-546-ch-1	62,8	94,0	78,4	8,42	-9,57	0,54	0<hp<1	ЧПД
500y/ Л104	62,8	86,0	74,4	6,45	-7,91	0,42	0<hp<1	ЧПД
500y/1068(94)	62,8	84,6	73,7	5,43	-8,16	0,40	0<hp<1	ЧПД
502 y/КК1083	62,8	86,4	74,6	5,76	-8,68	0,41	0<hp<1	ЧПД
Македонка 21/500y	62,0	62,8	62,4	10,10	9,39	1,60	>1	НД
КК1083/500y	86,4	62,8	74,6	21,99	5,32	1,94	>1	НД
Аргентина 2/500y	92,4	62,8	77,6	13,14	-5,00	0,88	0<hp<1	ЧПД
Acala-546-ch-1/500y	94,0	62,8	78,4	12,76	-5,96	0,82	0<hp<1	ЧПД
Л104/500y	86,0	62,8	74,4	23,66	6,98	2,00	>1	НД
1068(94)/500y	84,6	62,8	73,7	17,63	2,48	1,30	>1	НД
502y/Уічу 2	70,2	81,5	75,8	-0,33	-7,24	-0,03	-1<hp<0	ЧВД
Огоста/500y	76,5	62,8	69,6	12,56	2,48	1,34	>1	НД
500y/Огоста	62,8	76,5	69,6	-4,10	-12,68	-0,43	-1<hp<0	ЧВД
Tomcot 1074/Огоста	92,0	76,5	84,2	12,17	2,72	1,56	>1	НД
Огоста/ Tomcot 1074	76,5	92,0	84,2	6,11	-2,83	0,78	0<hp<1	ЧПД

Пімітка*: НД – над домінування, ЧПД – часткове позитивне домінування, ЧВД – Часткове від'ємне домінування, ВГ – Від'ємний гетерозис.

змінювався від -7,52% до 23,66%, істинний – від -13,95% до 9,39%. Позитивний гетерозис спостерігався у значної частини комбінацій, зокрема у: 500y/T073 (6,46%, 0,71%), 500y/A2 (7,97%; 3,19%), КК1083/500y (21,99%; 5,32%), Л104/500y (23,66%; 6,98%), Tomcot 1074/Огоста (12,17%; 2,72%). Негативний гетерозис виявлено у реципрокних та окремих інших комбінаціях, а саме: A2/500y (-7,52%; -11,61%), T073/500y (-7,06%; -12,7%), 500y/КК1083 (-0,54%; -13,95%). Це свідчить про суттєвий вплив генотипу материнської форми та цитоплазматичних факторів.

Аналіз ступеня фенотипового домінування показав широкий спектр типів успадкування. Наддомінування (hp > 1 або hp < -1) спостерігали у 10 комбінацій (42%), часткове домінування (-1 < hp < 1) – у 14 комбінацій (58%). Повного домінування (hp = ±1) практично не виявлено.

Оцінка ступеня фенотипового домінування показала різноспрямований характер успадкування ознаки. У ряді гібридів виявлено наддомінування (hp > 1), зокрема у комбінаціях КК1083/500y (hp = 1,94), Л104/500y (hp = 2,00), 1068(94)/500y (hp = 1,30), Огоста/500y (hp = 1,34) та Tomcot 1074/

Огоста (hp = 1,56). Це свідчить про перевагу гетерозиготного стану та можливу наявність сприятливих епістатичних взаємодій генів, що контролюють висоту рослин.

Водночас негативне наддомінування спостерігалось у A2/500y (hp = -1,62) та T073/500y (hp = -1,24), що може бути зумовлене неадитивною взаємодією генів, епістатичними ефектами та можливими порушеннями гормональної регуляції росту, що призводить до пригнічення прояву ознаки, порівняно з батьківськими формами.

Дані таблиці 1 свідчать, що проміжне успадкування (ПУ) характерне для більшості гібридів.

У більшості інших комбінацій спостерігалось часткове позитивне домінування (0 < hp < 1), що вказує на проміжний характер успадкування з тенденцією до кращої батьківської форми. Натомість окремі гібриди, зокрема 500y/КК1083, 500y/Огоста та 502y/Уічу 2, характеризувалися від'ємними значеннями hp (-1 < hp < 0), що свідчить про зміщення ознаки у бік менш продуктивного з батьків.

Аналіз гіпотетичного гетерозису показав, що в більшості гібридних комбінацій спостерігалось позитивне перевищення значення F₁ над середнім

батьків (МР), що узгоджується з класичним визначенням гетерозису як явища переваги гібридів над батьківськими формами за кількісними ознаками. Найвищі значення цього показника відмічено у комбінаціях Л104/500у (23,66%), КК1083/500у (21,99%), 1068(94)/500у (17,63%) та Аргентина 2/500у (13,14%), що свідчить про значний потенціал цих гібридів щодо формування підвищеної висоти рослин.

Водночас істинний гетерозис, розрахований відносно кращого з батьків (ВР), мав більш стриманий характер і в ряді випадків набував від'ємних значень. Це вказує на відсутність перевищення гібридом максимального батьківського рівня. Позитивний істинний гетерозис встановлено у комбінаціях Македонка 21/500у (9,39%), Л104/500у (6,98%), КК1083/500у (5,32%), 1068(94)/500у (2,48%), Огоста/500у (2,48%) та Tomcot 1074/Огоста (2,72%), так як свідчить про реальне перевищення батьківських форм і є цінною ознакою для селекції.

Встановлено також істотний вплив на пряму схрещування на прояв гетерозису та характер успадкування. Особливо важливо, що у ряді випадків реципрокні гібриди суттєво відрізнялися (наприклад, 500у/А2 і А2/500у). Це підтверджує наявність цитоплазматичного ефекту та материнського впливу.

Отже, результати дослідження підтверджують, що висота рослин у гібридів F_1 бавовнику успадковується за складним типом із проявом різних форм домінування. Найбільш перспективними для селекції є гібридні комбінації, що поєднують високі значення гетерозису з наддомінуванням, зокрема: КК1083/500у, Л104/500у, 1068(94)/500у, Огоста/500у та Tomcot 1074/Огоста.

Отримані дані доповнюють сучасні уявлення про генетичну природу гетерозису [30, 31] та можуть бути використані для оптимізації підбору батьківських компонентів при створенні високопродуктивних сортів бавовнику з оптимальною архітектурою рослин [32].

Дослідження внутрішньовидових гібридів (*G. hirsutum* × *G. hirsutum*) підтверджують значний прояв гетерозису за цінними господарськими ознаками, включаючи висоту рослин, що зумовлено взаємодією адитивних і неадитивних генів [33].

Таким чином, отримані в даному дослідженні результати підтверджують сучасні уявлення про складну генетичну природу гетерозису у бавовнику та узгоджуються з результатами інших авторів щодо важливої ролі неадитивних генетичних ефектів у формуванні висоти рослин [34].

Отримані результати узгоджуються з сучасними дослідженнями, в яких висота рослин розглядається як одна з ключових ознак архітектури бавовнику, що визначає не лише біомасу, але й адаптивність рослин до умов вирощування та механізованого збирання. Встановлено, що ця ознака має складну полігенну природу і характеризується високою мінливістю залежно від генотипу та умов середовища [35].

Важливо, що висота рослин тісно пов'язана з архітектурою рослини та її продуктивністю,

зокрема через вплив на формування міжвузлів і загальний темп росту. Встановлено, що ця ознака прямо визначає біологічну продуктивність і опосередковано впливає на врожайність бавовнику [36].

Таким чином, результати даного дослідження повністю узгоджуються з сучасними уявленнями про генетичний контроль висоти рослин у *Gossypium hirsutum* L., відповідно до яких: висота рослин є динамічною кількісною ознакою; контролюється великою кількістю QTL із різною експресією на різних етапах розвитку; формується під впливом як адитивних, так і неадитивних (домінування, наддомінування) генетичних ефектів; може значно змінюватися залежно від генотипу та на пряму схрещування [36].

Це підтверджує доцільність використання виявлених у даному дослідженні гібридних комбінацій із високим рівнем гетерозису та наддомінування для подальшої селекції сортів бавовнику з оптимальною висотою рослин.

Висновки. Отримані результати свідчать, що успадкування висоти рослин у гібридів бавовнику має складний полігенний характер і супроводжується значним проявом гетерозису. Переважання часткового домінування та наддомінування вказує на перспективність використання досліджених генотипів у селекції.

Найбільш перспективними для подальшого селекційного використання є гібридні комбінації, що поєднують високі значення гіпотетичного та істинного гетерозису з наддомінуванням, а саме: КК1083/500у, Л104/500у, 1068(94)/500у, Огоста/500у та Tomcot 1074/Огоста та можуть бути використані для обґрунтування добору батьківських компонентів при створенні високопродуктивних сортів бавовнику з оптимальною архітектурою рослин.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Lu J., Wang L., Zhang Q. et al. AmCBF1 Transcription Factor Regulates Plant Architecture by Repressing GhPP2C1 or GhPP2C2 in *Gossypium hirsutum* L.. *Front. Plant Sci.* 2022. 13, 914206. doi: 10.3389/fpls.2022.914206. PMID: 35712572; PMCID: PMC9197424.
2. Teodoro P. E., Farias F. J. C., Carvalho L. P. et al. Adaptability and stability of cotton genotypes regarding fiber yield and quality traits. *Crop Science.* 2019. 59(2), 518-524. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.04.0250>.
3. Kendal E. Comparing durum wheat cultivars by genotype × yield × trait and genotype × trait biplot method. *Chilean Journal of Agricultural Research.* 2019. 79(4), 512-522. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392019000400512>.
4. Woyann L. G., Meira D., Matei G. et al. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. *Agronomy Journal.* 2020. 112(1), 175-182. <https://doi.org/10.1002/agj2.20044>.
4. Peixoto M. A., Santana J., Coelho I. P. et al. Genotype selection based on multiple traits in cotton crops: The application of genotype by yield*trait biplot. *Agronomy.* 2022. Vol. 44, e54136. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.54136>

5. Mahmood T., Wang X., Ahmar S. et al. Genetic Potential and Inheritance Pattern of Phenological Growth and Drought Tolerance in Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Front. Plant Sci.* 2021. 12:705392. doi: 10.3389/fpls.2021.705392.
6. Huang X., Liu H., Ma B. The Current Progresses in the Genes and Networks Regulating Cotton Plant Architecture. *Front Plant Sci.* 2022. 9;13:882583. doi: 10.3389/fpls.2022.882583. PMID: 35755647; PMCID: PMC9218861.
7. Miao L., Wang X., Yu C., Ye C., Yan Y., Wang H. What factors control plant height?. *Journal of Integrative Agriculture.* 2024. Vol. 23(6). P. 1803-1824. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2024.03.058>
8. Quisenberry J. E. Inheritance of Plant Height in Cotton. I. A Cross Between Lubbock Dwarf and Texas Marker. *Crop Science.* 2022. Vol. 15(2). pp. 197-199. <https://doi.org/10.2135/cropsci1975.0011183X00150002016x>.
9. Huang Q., Liu L., Li H., Wang X., Si A., He L., Yu Y. Identification of Co-Expression Modules of Cotton Plant Height-Related Genes Based on Weighted Gene Co-Expression Network Analysis. *Agronomy.* 2025. 15(1):196. <https://doi.org/10.3390/agronomy15010196>.
10. Wang C., Ma Q., Xie X. et al. Identification of favorable haplotypes/alleles and candidate genes for three plant architecture-related traits via a restricted two-stage multilocus genome-wide association study in upland cotton. *Crop. Prod.* 2022. 177:114458. DOI:10.1016/j.indcrop.2021.114458.
11. Thamrin S., Junaedi J., Darwisah H. B. Production of cotton plants using drip irrigation in two different planting years. *Agriculture.* 2018. 30, 117–124. DOI:<https://doi.org/10.24246/agric.2018.v30.i2.p117-124>.
12. Bajwa K.S., Ali M.U., Rao A.Q. et al. From genes to fields: Environmental compatibility of herbicide tolerant transgenic cotton. *Ind. Crops Prod.* 2024. 209, 117903. <https://dx.doi.org/10.2139/ssrn.5911792>.
13. Wu H., Ren Z., Zheng L. et al. The bHLH transcription factor GhPAS1 mediates BR signaling to regulate plant development and architecture in cotton. *The Crop Journal.* 2021. 9(5): 1049-1059. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.10.014>.
14. Huang X., Liu H., Ma B. The Current Progresses in the Genes and Networks Regulating Cotton Plant Architecture. *Front. Plant Sci.* 2022. 13:882583. doi: 10.3389/fpls.2022.882583.
15. Pei X., Wang X., Fu G., Chen B., Nazir M. F., Pan Z., He S., Du X. Identification and functional analysis of 9-cis-epoxy carotenoid dioxygenase (NCED) homologs in *G. hirsutum*. *International Journal of Biological Macromolecules.* 2021. 182(12). DOI:10.1016/j.ijbiomac.2021.03.154.
16. Wu J., Mao L., Tao J. et al. Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front. Plant Sci.* 2022. 13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140.
17. Xiao C., Zhang F., Li Y., Fan J., Xu X., Liu X. Optimal drip irrigation leaching amount and times enhance seed cotton yield and its stability by improving soil chemical environment and source-sink relationship. *Field Crops Res.* 2024. 317, 109531. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109531>.
18. Baird J., Schwenke G., Macdonald B., Nachimuthu G., McPherson A., Mercer C. Efficiency over excess: Maximising cotton lint yields with optimum irrigation and nitrogen fertiliser application. *Field Crops Res.* 2024. 315, 109484. DOI:10.1016/j.fcr.2024.109484.
19. Hemalatha G., Nagabhushanam U., Veeranna G., Ch R. Impact of Different Plant Densities and Fertilizer Levels on Yield Attributes, Yield and Fibre Quality Characters of Bt Cotton in HDPS. *J. Exp. Agric. Int.* 2024. 46, 290–297. DOI: 10.9734/jeai/2024/v46i82706.
20. Wu J., Mao L., Tao J. et al. Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front. Plant Sci.* 2022. 13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140.
21. Nidagundi J. M., Gurumurthy S., Kuchanur P.H., Lokesh G.Y., Lakshmikanth M., Meena M.K. Original Research Article Unravelling the Genetic Divergence and Trait Association for Yield and Its Component Traits among Germplasm Lines in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Journal of Experimental Agriculture International.* 2024. 46, 731–738. DOI:10.9734/jeai/2024/v46i72626.
22. Scarpin G. J., Dileo P. N., Winkler H. M. et al. Genetic progress in seed and fiber quality traits of cotton in Argentina. *Field Crops Res.* 2024. 302, p. 109106. DOI: 10.1016/j.fcr.2023.109106.
23. Jindal S., Pathak D., Dutt T., Rathore P. Genetic analysis and molecular validation of gene conferring petal spot phenotype in interspecific crosses of cotton. *Heliyon.* 2024. 20(10):e31538. PMID: 38826732. PMCID: PMC11141370. Doi: 10.1016/j.heliyon.2024.e31538.
24. Волкодав В. В. Методика державного сорто-випробування сільськогосподарських культур. Випуск третій (олійні, технічні, прядильні та кормові культури). Київ: Алефа, 2001. 76 с.
25. Широкий уніфікований класифікатор – довідник роду *Gossypium hirsutum* L. / Вожегова Р. А., Рябчун В. К., Боровик В. О., Степанов Ю. О., Малярчук М. П., Лавриненко Ю. О., Біднина І. О., Біляєва І. М. Херсон: Гріль Д.С., 2015. 49 с.
26. Вожегова Р. А. та ін. Методика польових і лабораторних досліджень на зрошуваних землях. Херсон: Гріль Д. С., 2014. 214 с.
27. Griffing B. Analysis of quantitative gene action by constant parent regression and related techniques. *Genet ics.* 1950. 35(3), 303–321.
28. Beil G. M., Atkins R. E. Inheritance of quantitative characters in grain sorghum. *Iowa St. J. Sci.* 1965. 39(3), 165–179.
29. Wu X., Liu Y., Zhang Y., Gu R. Advances in Research on the Mechanism of Heterosis in Plants. *Front Plant Sci.* 2021. 27;12:745726. doi: 10.3389/fpls.2021.745726.
30. Schnable P.S., Springer N.M. Progress toward understanding heterosis in crop plants. *Plant Biol.* 2013;64:71-88. doi: 10.1146/annurev-arplant-042110-103827.
31. Zhang T., Xuan L., Mao Y., Hu Y. Cotton heterosis and hybrid cultivar development. *Theor Appl Genet.* 2023. 31;136(4):89. doi: 10.1007/s00122-023-04334-w. PMID: 37000242.
32. Geng X., Qu Y., Jia Y.-H., He S., Pan Z., Wang L., Du X. Assessment of heterosis based on parental genetic distance estimated with SSR and SNP markers in

upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *BMC Genomics*. 2021. 22(1). DOI: 10.1186/s12864-021-07431-6.

15. 34. Farooq A., Shakeel A., Saeed A., Farooq J., Rizwan M., Chattha W. S., Sarwar G., Ramzan Y. Genetic variability predicting breeding potential of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for high temperature tolerance. *J Cotton Res*. 2023. 6, 7. <https://doi.org/10.1186/s42397-023-00144-z>.

16. 35. Wu J., Mao L., Tao J. et al. Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front Plant Sci*. 2022. 9;13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140. PMID: 35769288; PMCID: PMC9235862.

17. 36. Li G., Che J., Gong J. et al. Quantitative Trait Locus Mapping for Plant Height and Branch Number in CCRI70 Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plants (Basel)*. 2024. 30;13(11):1509. doi: 10.3390/plants13111509. PMID: 38891318; PMCID: PMC11174691.

REFERENCES:

1. Lu, J., Wang, L., Zhang, Q., Ma, C., Su, X., Cheng, H. & Guo, H. (2022). AmCBF1 Transcription Factor Regulates Plant Architecture by Repressing GhPP2C1 or GhPP2C2 in *Gossypium hirsutum* L.. *Front. Plant Sci.*, 13, 914206. doi: 10.3389/fpls.2022.914206.

2. Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., Cruz, C.D. & Bhering, L. L. (2019). Adaptability and stability of cotton genotypes regarding fiber yield and quality traits. *Crop Science*, 59(2), 518-524. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.04.0250>

3. Kendal, E. (2019). Comparing durum wheat cultivars by genotype × yield × trait and genotype × trait biplot method. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 79(4), 512-522. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392019000400512>

4. Woyann, L. G., Meira, D., Matei, G., Zdziarski, A. D., Dallacorte, L. V., Madella, L. A. & Benin, G. (2020). Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. *Agronomy Journal*, 112(1), 175-182. <https://doi.org/10.1002/agj2.20044> [in English].

5. Peixoto, M. A., Santana, J., Coelho, I. P., Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., Teodoro, P. E. & Bhering, L. L. (2022). Genotype selection based on multiple traits in cotton crops: The application of genotype by yield*trait biplot. *Agronomy*, Vol. 44, e54136. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.54136>

6. Mahmood, T., Wang, X., Ahmar, S., Abdullah, M., Iqbal, M.S., Rana, R.M., Yasir, M., Khalid, S., Javed, T., Mora-Poblete, F., Chen, J.-T., Shah, M.K.N. & Du, X. (2021). Genetic Potential and Inheritance Pattern of Phenological Growth and Drought Tolerance in Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Front. Plant Sci.*, 12:705392. doi: 10.3389/fpls.2021.705392

7. Huang, X., Liu, H. & Ma, B. (2022). The Current Progresses in the Genes and Networks Regulating Cotton Plant Architecture. *Front Plant Sci*. 9;13:882583. doi: 10.3389/fpls.2022.882583.

8. Miao, L., Wang, X., Yu, C., Ye, C., Yan, Y. & Wang, H. (2024). What factors control plant height?. *Journal of Integrative Agriculture*, Vol. 23(6). P. 1803-1824. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2024.03.058>

9. Quisenberry, J. E. (2022). Inheritance of Plant Height in Cotton. I. A Cross Between Lubbock Dwarf and Texas Marker. *Crop Science*, Vol. 15(2), pp. 197-199. <https://doi.org/10.2135/cropsci1975.0011183X001500020016x>.

10. Huang, Q., Liu, L., Li, H., Wang, X., Si, A., He, L. & Yu, Y. (2025). Identification of Co-Expression Modules of Cotton Plant Height-Related Genes Based on Weighted Gene Co-Expression Network Analysis. *Agronomy*, 15(1):196. <https://doi.org/10.3390/agronomy15010196>

11. Wang, C., Ma, Q., Xie, X., Zhang, X., Yang, D., Lin, H. & Su, J. (2022). Identification of favorable haplotypes/alleles and candidate genes for three plant architecture-related traits via a restricted two-stage multilocus genome-wide association study in upland cotton. *Crop. Prod*, 177:114458. DOI:10.1016/j.indcrop.2021.114458

12. Thamrin, S., Junaedi, J., & Darwisah, H. B. (2018). Production of cotton plants using drip irrigation in two different planting years. *Agriculture*, 30, 117–124. <https://doi.org/10.24246/agric.2018.v30.i2.p117-124>

13. Bajwa, K.S., Ali, M.U., Rao, A.Q., Kiani, S., Ahmad, F., Bakhsh, A., Noor, S., Abbas, Z., Ail, S. & Ail, G.M. (2024). From genes to fields: Environmental compatibility of herbicide tolerant transgenic cotton. *Ind. Crops Prod*, 209, 117903. <https://dx.doi.org/10.2139/ssrn.5911792>

14. Wu, H., Ren, Z., Zheng, L., Guo, M., Yang, J., Hou, L., Qanmber, G., Li, F. & Yang, Z. (2021). The bHLH transcription factor GhPAS1 mediates BR signaling to regulate plant development and architecture in cotton. *The Crop Journal*, 9(5): 1049-1059. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.10.014>

15. Huang, X., Liu, H. & Ma, B. (2022). The Current Progresses in the Genes and Networks Regulating Cotton Plant Architecture. *Front. Plant Sci.*, 13:882583. doi: 10.3389/fpls.2022.882583

16. Pei, X., Wang, X., Fu, G., Chen, B., Nazir, M. F., Pan, Z., He, S. & Du, X. (2021). Identification and functional analysis of 9-cis-epoxy carotenoid dioxygenase (NCED) homologs in *G. hirsutum*. *International Journal of Biological Macromolecules*. 182(12). DOI:10.1016/j.ijbiomac.2021.03.154

17. Wu, J., Mao, L., Tao, J., Wang, X., Zhang, H., Xin, M., Shang, Y., Zhang, Y., Zhang, G., Zhao, Z., Wang, Y., Cui, M., Wei, L., Song, X. & Sun, X. (2022). Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front. Plant Sci*. 13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140

18. Xiao, C., Zhang, F., Li, Y., Fan, J., Xu, X. & Liu, X. (2024). Optimal drip irrigation leaching amount and times enhance seed cotton yield and its stability by improving soil chemical environment and source-sink relationship. *Field Crops Res*. 317, 109531. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109531>

19. Baird, J., Schwenke, G., Macdonald, B., Nachimuthu, G., McPherson, A. & Mercer, C. (2024). Efficiency over excess: Maximising cotton lint yields with optimum irrigation and nitrogen fertiliser application. *Field Crops Res*, 315, 109484. DOI:10.1016/j.fcr.2024.109484

20. Hemalatha, G., Nagabhushanam, U., Veeranna, G. & Ch, R. (2024). Impact of Different Plant Densities and Fertilizer Levels on Yield Attributes, Yield and Fibre Quality Characters of Bt Cotton in HDPS. *J. Exp*.

Agric. Int., 2024. 46, 290–297. DOI: 10.9734/jeai/2024/v46i82706

21. Wu, J., Mao, L., Tao, J., Wang, X., Zhang, H., Xin, M., Shang, Y., Zhang, Y., Zhang, G., Zhao, Z., Wang, Y., Cui, M., Wei, L., Song, X. & Sun, X. (2022). Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front. Plant Sci.*, 13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140

22. Nidagundi, J. M., Gurumurthy, S., Kuchanur, P.H., Lokesh, G.Y., Lakshmikanth, M. & Meena, M.K. (2024). Original Research Article Unravelling the Genetic Divergence and Trait Association for Yield and Its Component Traits among Germplasm Lines in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Journal of Experimental Agriculture International*. 46, 731–738. DOI: 10.9734/jeai/2024/v46i72626

23. Scarpin, G. J., Dileo, P. N., Winkler, H. M., Cerejijo, A. E., Lorenzini, F. G., Muchut, R. J., Roeschlin, R. A., Mattalia, P., Acuna, C. & Paytas, M. (2024). Genetic progress in seed and fiber quality traits of cotton in Argentina. *Field Crops Res.* 302, p. 109106. DOI: 10.1016/j.fcr.2023.109106 [in English].

24. Jindal, S., Pathak, D., Dutt, T. & Rathore, P. (2024). Genetic analysis and molecular validation of gene conferring petal spot phenotype in interspecific crosses of cotton. *Heliyon*. 20(10):e31538. PMID: 38826732. PMCID: PMC11141370. Doi: 10.1016/j.heliyon.2024.e31538

25. Volkodav, V.V. (Ed.). (2001). *Metodyka derzhavnoho sortovyprobuvannia silskohospodarskykh kultur. Vypusk 3 (oliini, tekhnichni, priadylni ta kormovi kultury) [The method of state varie ty and testing of agricultural crops. Release 3 (olive, techni cal, spinning and fodder crops)]*. Kyiv: Alefa, 76 [in Ukrainian].

26. Vozhehova, R.A., Riabchun, V.K., Borovyk, V.O., Stepanov, Yu.O., Maliarchuk, M.P., Lavrynenko, Yu.O., Poverty, I.O., & Biliaeva, I.M. (2015). *Shyrokyi unifikovanyi klasyfikator – dovidnyk rodu Gossypium hirsutum L. [Uniform wide descriptors list and reference for the genus Gossypium hirsutum (L.)]*. Kherson: Hrin D.S., 49 [in Ukrainian].

27. Vozhehova, R.A. (Ed.). (2014). *Metodyka polovykh i labora tornykh doslidzhen na zroshuvanykh zemliakh [Methods of field and laboratory research on irrigated lands]*. Kherson: Hrin D. S., 214 [in Ukrainian]

28. Griffing, B. (1950). Analysis of quantitative gene action by constant parent regression and related techniques. *Genet ics.*, 35(3), 303–321.

29. Beil, G.M., & Atkins, R.E. (1965). Inheritance of quantitative characters in grain sorghum. *Iowa St. J. Sci.*, 39(3), 165–179.

30. Wu, X., Liu, Y., Zhang, Y. & Gu, R. (2021). Advances in Research on the Mechanism of Heterosis in Plants. *Front Plant Sci.* 27;12:745726. doi: 10.3389/fpls.2021.745726.

31. Schnable, P.S. & Springer, N.M. (2013). Progress toward understanding heterosis in crop plants. *Plant Biol.* 64:71-88. doi: 10.1146/annurev-arplant-042110-103827. Epub 2013 Feb 6. PMID: 23394499

32. Zhang, T., Xuan, L., Mao, Y. & Hu, Y. (2023). Cotton heterosis and hybrid cultivar development. *Theor Appl Genet.* 31;136(4):89. doi: 10.1007/s00122-023-04334-w.

33. Geng, X., Qu, Y., Jia, Y.-H., He, S., Pan, Z., Wang, L. & Du, X. (2021). Assessment of heterosis based

on parental genetic distance estimated with SSR and SNP markers in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *BMC Genomics*, 22(1). DOI: 10.1186/s12864-021-07431-6.

34. Farooq, A., Shakeel, A., Saeed, A., Farooq, J., Rizwan, M., Chattha, W. S., Sarwar, G. & Ramzan, Y. (2023). Genetic variability predicting breeding potential of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for high temperature tolerance. *J Cotton Res*, 6, 7. https://doi.org/10.1186/s42397-023-00144-z.

35. Wu, J., Mao, L., Tao, J., Wang, X., Zhang, H., Xin, M., Shang, Y., Zhang, Y., Zhang, G., Zhao, Z., Wang, Y., Cui, M., Wei, L., Song, X. & Sun, X. (2022). Dynamic Quantitative Trait Loci Mapping for Plant Height in Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton. *Front Plant Sci.* 9;13:914140. doi: 10.3389/fpls.2022.914140.

36. Li, G., Che, J., Gong, J., Duan, L., Zhang, Z., Jiang, X., Xu, P., Fan, S., Gong, W., Shi, Y., Liu, A., Li, J., Li, P., Pan, J., Deng, X., Yuan, Y. & Shang, H. (2024). Quantitative Trait Locus Mapping for Plant Height and Branch Number in CCR170 Recombinant Inbred Line Population of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plants (Base)*, 30;13(11):1509. doi: 10.3390/plants13111509.

Боровик В.О., Мальцева О.П. Ступінь фенотипового домінування і гетерозис за висотою рослин у гібридів бавовнику першого покоління F₁

Мета дослідження – встановити особливості успадкування ознаки «висота рослини» у гібридів першого покоління (F₁) бавовнику (*Gossypium hirsutum* L.), а також оцінити гібридні комбінації з метою виявлення генотипів із найбільш вираженим проявом гетерозису за цією ознакою. **Методи:** польові, лабораторні, статистичні. **Результати.** У результаті аналізу гібридів першого покоління (F₁) за ознакою «висота рослин» встановлено значну мінливість показників залежно від гібридної комбінації та напряму схрещування. Аналіз гіпотетичного гетерозису показав, що в більшості гібридних комбінацій спостерігалось позитивне перевищення значення F₁ над середнім батьків (MP), що узгоджується з класичним визначенням гетерозису як явища переваги гібридів над батьківськими формами за кількісними ознаками. Найвищі значення цього показника відмічено у комбінаціях Л104/500у (23,66%), КК1083/500у (21,99%), 1068(94)/500у (17,63%) та Аргентина 2/500у (13,14%), що свідчить про значний потенціал цих гібридів щодо формування підвищеної висоти рослин. Водночас істинний гетерозис, розрахований відносно кращого з батьків (BP), мав більш стриманий характер і в ряді випадків набував від'ємних значень. Це вказує на відсутність перевищення гібридом максимального батьківського рівня. Позитивний істинний гетерозис встановлено у комбінаціях Македонка 21/500у (9,39%), Л104/500у (6,98%), КК1083/500у (5,32%), 1068(94)/500у (2,48%), Огоста/500у (2,48%) та Томcot 1074/Огоста (2,72%), так як свідчить про реальне перевищення батьківських форм і є цінною ознакою для селекції. **Висновки.** Найбільш перспективними для подальшого селекційного використання є гібридні комбінації, що поєднують високі значення гіпотетичного та істинного гетерозису з наддомінуванням, а саме: КК1083/500у, Л104/500у, 1068(94)/500у, Огоста/500у та Томcot 1074/Огоста та можуть бути використані для об'єднання

добору батьківських компонентів при створенні високопродуктивних сортів бавовнику з оптимальною архітектурою рослин.

Ключові слова: гібридні комбінації, висота рослин, гіпотетичний та істинний гетерозис.

Borovyk V.O., Maltseva O.P. The degree of phenotypic dominance and heterosis in plant height in first-generation F₁ cotton hybrids

The aim of the study is to establish the features of inheritance of the trait "plant height" in first-generation (F₁) cotton (*Gossypium hirsutum* L.) hybrids, as well as to evaluate hybrid combinations in order to identify genotypes with the most pronounced manifestation of heterosis in this trait. **Methods:** field, laboratory, statistical. **Results.** As a result of the analysis of first-generation (F₁) hybrids in terms of "plant height", significant variability of indicators was established depending on the hybrid combination and the direction of crossing. The analysis of hypothetical heterosis showed that in most hybrid combinations a positive excess of the F₁ value over the mean of the parents (MP) was observed, which is consistent with the classical definition of heterosis as the phenomenon of the superiority of hybrids over parental forms in quantitative traits.

The highest values of this indicator were observed in the combinations L104/500u (23.66%), KK1083/500u (21.99%), 1068(94)/500u (17.63%) and Argentina 2/500u (13.14%), which indicates a significant potential of these hybrids for the formation of increased plant height. At the same time, the true heterosis, calculated relative to the best parent (BP), was more restrained and in some cases acquired negative values. This indicates that the hybrids did not exceed the maximum parental level. Positive true heterosis was established in the combinations Makedonka 21/500u (9.39%), L104/500u (6.98%), KK1083/500u (5.32%), 1068(94)/500u (2.48%), Ogosta/500u (2.48%) and Tomcot 1074/Ogosta (2.72%), as it indicates a real excess of parental forms and is a valuable trait for selection. **Conclusions.** The most promising for further breeding use are hybrid combinations that combine high values of hypothetical and true heterosis with overdominance, namely: KK1083/500y, L104/500y, 1068(94)/500y, Ogosta/500y and Tomcot 1074/Ogosta and can be used to justify the selection of parental components when creating high-yielding cotton varieties with optimal plant architecture.

Key words: hybrid combinations, plant height, hypothetical and true heterosis.



Стаття поширюється на умовах ліцензії відкритого доступу CC BY 4.0

Дата першого надходження статті до видання: 27.02.2026

Дата прийняття статті до друку після рецензування: 27.03.2026

Дата публікації (оприлюднення) статті: 28.04.2026