

АНАЛІЗ ФЕНОТИПОВОГО РІЗНОМАНІТТЯ СПРАВЖНИХ ЛИСТКІВ У ЛІНІЙ САЛАТУ ЛИСТКОВОГО (*LACTUCA SATIVA* VAR. *SECALINA* L.), СТВОРЕНИХ МЕТОДАМИ ФІЗИЧНОГО І ХІМІЧНОГО МУТАГЕНЕЗУ

С. І. Кондратенко¹, О. О. Горобченко², З. П. Ліннік¹,
С. М. Кормош³, І. М. Митенко¹, О. В. Позняк⁴, Л. В. Чабан⁴

¹ Інститут овочівництва і багаторічності НААН, вул. Овочівників, 1, с. Селекційне Харківського р-ну Харківської обл., 62478, Україна;

² Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна, майдан Свободи, 4, Харків, 61022, Україна;

³ Інститут аграрних ресурсів та регіонального розвитку НААН, проспект свободи, 17, с. Велика Бакта Берегівського р-ну Закарпатської обл., 90252, Україна;

⁴ Дослідна станція “Маяк” Інституту овочівництва і багаторічності НААН, вул. Незалежності, 39, с. Крути Ніжинського р-ну Чернігівської обл., 16645, Україна
e-mail: gorobchenko@karazin.ua

Надійшла до редакції 8 серпня 2025 р. Переглянута 2 вересня 2025 р.

Прийнята до друку 10 листопада 2025 р.

Актуальність. Для розширення генотипового різноманіття салату листкового (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.) доцільно використовувати методи фізичного і хімічного мутагенезу, які дозволяють змінювати корисні ознаки вихідної форми, які потім можна прискорено стабілізувати за рахунок інбридингу. Біофізичні методи фенотипової ідентифікації і класифікації досліджуваних змін, які ґрунтуються на технології мультиспектральної візуалізації, наразі є ще недостатньо удосконаленими. Тому є доцільним проводити біометричні вимірювання і морфолого-ідентифікаційний аналіз фенотипу мутантних генотипів за бальною оцінкою рівнів прояву якісних ознак.

Мета. Визначити особливості мутагенного впливу γ -опромінювання і біологічно-активних речовин мутагенної дії на генотипову мінливість якісних ознак листової пластинки рослин салату листкового вегетативної фази розвитку та дослідити кореляційні зв'язки між асоціацією якісних ознак, що визначають фенотип справжнього листка і кількісними ознаками ліній салату листкового мутантного походження.

Методи. Непараметрична статистика та критерії для порівняння рослинних об'єктів, методи ботанічної класифікації салату листкового, кореляційний аналіз.

Результати. Вивчено мутагенний вплив трьох біологічно активних речовин (ДМС (еталон), ДМУ-1, ДМУ-5) та γ -променів у дозах 11 і 15 кР на генотипову мінливість салату листкового за комплексом якісних ознак. Проведено порівняльний аналіз розбіжностей між якісними ознаками вихідної форми (сорт Шар малиновий) та створених на її основі 17 мутантних ліній. В результаті випробування мутагенів підтверджено їх високу ефективність в індукції мутаційних змін в геномі салату листкового,

Як цитувати: Кондратенко СІ, Горобченко ОО, Ліннік ЗП, Кормош СМ, Митенко ІМ, Позняк ОВ, Чабан ЛВ. Аналіз фенотипового різноманіття справжніх листків у ліній салату листкового (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.), створених методами фізичного і хімічного мутагенезу. Біофізичний вісник. 2025;54:83–99. <https://doi.org/10.26565/2075-3810-2025-54-06>

Citation: Kondratenko SI, Gorobchenko OO, Linnik ZP, Kormosh SM, Mytenko IM, Pozniak OV, Chaban LV. Analysis of phenotypic diversity of true leaves in lettuce lines (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.) created by physical and chemical mutagenesis. Biophysical Bulletin. 2025;54:83–99. <https://doi.org/10.26565/2075-3810-2025-54-06>

Open Access. This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

пов'язаних з морфологією листкової пластинки. Найбільшу ефективність виявив препарат ДМУ-1 за дії якого одержано 6 мутантних ліній. За дії γ -опромінювання дозою 15 кР одержано 4 лінії. За дії γ -опромінювання дозою 11 кР і ДМС створено по 3 лінії, відповідно. За використання препарату ДМУ-5 одержано 1 лінію.

Висновки. Встановлені кореляційні зв'язки між рівнями прояву якісних і кількісних ознак дозволяють проводити відбір потенційно високопродуктивних мутантних ліній салату листового залежно від успадкованих мутаційних змін, які визначають морфологію справжнього листка. Зокрема, виникає можливість проводити добір мутантних генотипів за прогнозом рівня прояву кількісної ознаки «Ширина листка» ($r_s = 0,483$), що є важливою в аспекті прогнозу потенційної продуктивності.

KEYWORDS: лінії салату листового; справжній листок; якісні і кількісні ознаки; хімічний і фізичний мутагенез; кореляційні залежності.

Серед існуючих зеленних культур салат посівний (*Lactuca sativa* L.) відзначається найбільшим рівнем світового виробництва [1–3]. Серед усього видового різноманіття особливою популярністю на ринку користується салат посівний листовий (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.). Основними вимогами до сучасних сортів даного виду є відмінні смакові якості, оригінальні форма і забарвлення листя, висока продуктивність та біологічна цінність, стійкість до стресових факторів вирощування [4–6]. Традиційна селекційна схема створення нових сортів салату листового передбачає проведення штучної гібридизації з подальшим індивідуальним, груповим та масовим відборами. Квітки салату листового факультативно запильні, оскільки ще в бутонах відбувається самозапилення через пилкові трубки [7–9]. Внаслідок чого існуюча традиційна технологія схрещування не є ефективною, оскільки обумовлена складною анатомією і малими розмірами квітки, що здатна до самозапилення, а також особливою біологією цвітіння у даного виду рослин [10–12].

Для розширення сортового різноманіття салату листового у селекційній практиці доцільно використовувати альтернативні, більш ефективні методи створення вихідного матеріалу. Одним із них є індукований мутагенез, за допомогою якого можна змінити лише одну або декілька ознак вихідної форми, які потім можна стабілізувати за відносно короткий проміжок часу в результаті проведення інбридингу протягом декількох поколінь [13]. Мутації можуть вплинути на еволюцію та поліпшення салату посівного (*Lactuca sativa* L.). Поряд зі звичайною гібридизацією, штучною або природною, індукований мутагенез є ефективним заходом створення генетичної мінливості, яку можна використовувати у фізіологічних чи генетичних дослідженнях [14–16]. Застосування мутагенезу також дуже ефективно в селекції різних видів салату для поліпшення низки господарсько-цінних ознак (стійкості до хвороб, підвищення врожайності, придбання нових корисних якісних ознак тощо) особливо у тих випадках, коли за звичайного схрещування генотипова мінливість у потомствах була пов'язана тільки з рекомбінацією тих ознак, які вже існують у батьківських компонентах [17, 18]. Мутаційна селекція вважається нетрансгенною, вона є більш прийнятною для споживачів і практично не зустрічає протидії з боку захисників навколишнього середовища, урядів, виробників та широкого загалу. Хоча процес мутагенезу може бути нескладним, все ж таки потрібна деяка практика і досвід, щоб визначити правильну дозу мутагену, що забезпечує високу частоту мутацій і низьку летальність. Через випадковий характер мутагенезу необхідно встановити велику популяцію ліній, що мутували, для того щоб вони були практично корисними для селекційного процесу. Може знадобитися велика площа експериментальної ділянки, щоб виростити рослини покоління M_1 і отримати достатньо насіння для селекції покоління M_2 [14, 19]. Існує п'ять основних видів салату посівного — головчастий (var. *capitata*), напівголовчастий (var. *acefala* Alef.), ромен (var. *longifolia*), листовий (var. *secalina*), стебловий (var. *angustana* jirish), які належать до групи зеленних культур. Здатність до самозапилення салату ще до розкриття квіток створює умови для

його обмеженої генетичної мінливості порівняно з іншими перехресно-запилюваними культурами. Мутагенні агенти, такі як рентгенівські промені, ультрафіолетове випромінювання, нейтрони, протони, альфа-, бета- і γ -промені, або хімічні мутагени, такі як етилметансульфонат (ЕМС) і диметилсульфат (ДМС) використовуються в селекції для незначного збільшення частоти мутацій, для отримання альтернативних за фенотипом мутантів порівняно із вихідними формами або як джерело цінних корисних ознак [20–23]. Дослідженням з індукованого мутагенезу салату листкового приділяється значної уваги у країнах з розвинутим аграрним сектором економіки. Завдяки чому вдалося вирішити ряд важливих проблем, пов'язаних з покращенням господарсько-цінних показників даної зеленної культури [24, 25]. Доведено, що найбільшого ефекту від використання різних за природою мутагенних чинників досягається якщо в разі об'єкта обробки використовувати повітряно-сухе насіння салату листкового [14, 19].

Продуктивним органом салату листкового є розетка листків. Залежно від сортового генотипу рослини мають період господарської придатності від 10 до 15 діб. Протягом вегетативної фази розвитку рослини утворюють справжні листки на 4–5 добу після формування котиледонів. У подальшому ріст листової розетки значно посилюється. Салат листовий відзначається значим генетичним різноманіттям листової пластинки за асоціацією якісних ознак, які визначають її форму, забарвлення, консистенцією та жилкування [12]. Морфогенез та ріст листя салату листкового мають складні механізми регуляції. Крім генетики, середовище існування також може істотно впливати на зміну структури листя, його колір та жилкування. Описані і добре помітні ознаки найрозповсюдженіших сортів салату листкового дуже важливі для ідентифікації фенотипу та аналізу асоціації фенотип-генотип. У всьому світі неможливо знайти два однакових листка, але листя різних сортів салату, ймовірно, виявляють більшу схожість [26]. Вочевидь, що статистичних ознак всього листа недостатньо для докладного опису відмінностей між сортами. Різні компоненти листя виконують певні фізіологічні функції і можуть бути кількісно описані та інтерпретовані з використанням їх властивостей, що спостерігаються. Візуально лист салату листкового можна розділити на різні функціональні області, такі як черешок та жилки для механічної підтримки і транспортування поживних речовин, інші області — для фотосинтезу. Нині існуючі методи структурного фенотипування справжнього листка будь-якого виду салату посівного не забезпечують можливості чітко розрізняти його складові. Окремі компоненти справжнього листка можна визначити вручну, проте цей процес є трудомістким і забирає багато часу. Проведено кілька досліджень фенотипування листків салату листкового на основі використання їх цифрових зображень для комп'ютерної обробки результатів візуалізації структурних компонентів [26, 27]. Запропонований експериментальний підхід закладає ефективну стратегію кількісного аналізу тонкої структури та компонентів відокремленого листка салату листкового за допомогою біофізичних методів досліджень, які ґрунтуються на основі методів мультиспектральної візуалізації. Проте на даний час, дані методи аналізу знаходяться ще на стадії розробки і потребують більш досконалої систематизації отриманих даних. Подальший прогрес у вирішенні цього питання дозволить більш детально відокремити численні ознаки для класифікації і ідентифікації листя та надати більш точну обчислювальну основу для його функціонального аналізу [26]. Основна структура справжнього листка встановлюється на ранній стадії його розвитку. Органогенез листя складається з процесу формування листової пластинки, структури жилкування, форми країв і особливостей забарвлення [28].

Одним із ключових етапів селекційного процесу є добір похідних джерел, що ґрунтується на сукупності ознак, характерних для конкретних генотипів. Особливості їх

прояву у сортових популяціях визначаються як походженням видів, так і впливом змінюваності та стабільності фізіологічних функцій рослин. Ці функції формуються у рамках складної взаємодії між популяцією та екологічним середовищем. Класифікаційні ознаки діляться на морфологічні кількісні й якісні. Якісні ознаки характеризуються чіткими альтернативними дискретними проявами, такими як високий чи низький габітус рослин, широкий або вузький лист, довгий чи округлий колосок тощо. Кількісні ознаки охоплюють усі параметри, які можна виміряти, підрахувати або зважити. Вони демонструють безперервну змінність, при якій їх значення варіюють у широкому діапазоні. Окрім цього, кількісні ознаки відрізняються за закономірностями успадкування від якісних і характеризуються високою чутливістю до впливу умов навколишнього середовища [29, 30]. У різних видів салату особлива увага приділяється якісним ознакам, що визначають фенотип справжніх листків тому, що ці ознаки є генетично стабільними та не змінюються під впливом зовнішніх факторів, на відміну від кількісних показників. Саме на основі проведених досліджень з класифікації гербарних зразків справжнього листа вдалося провести систематику салату листового [31].

Згідно з класифікацією Міжнародного союзу з охорони нових сортів рослин (UPOV, 2021) у кожного виду рослин виділяються до 50 морфолого-ідентифікаційних ознак, відповідно до яких проводиться експертиза сортів і гібридів F₁ за комплексом апробаційних ознак. З огляду на це, в Українському Інституті експертизи сортів постійно проводяться методичні розробки з удосконалення кваліфікаційної експертизи сортів салату посівного на основі рекомендацій UPOV. Результатом цієї роботи є розробка відповідної методики-класифікатору апробаційних ознак, за якими реєструються нові сорти за критеріями ВОС-тесту (відмінність, однорідність і стабільність) прояву апробаційних ознак [32]. Методика-класифікатор визначає ботаніко-класифікаційні ознаки різних видів салату посівного — стеблового (var. *angustana jrish*), головчастого (var. *capitata*), напівголовчастого (var. *acepfala* Alef.), ромен (var. *longifolia*) та листового (var. *secalina*). Методика є базою для експертного оцінювання нових сортів шляхом визначення апробаційних ознак за ВОС-тестом, що є ключовою вимогою під час проведення кваліфікаційної експертизи. Зокрема, градація асоціації якісних ознак, що визначають фенотип листової пластинки проводиться на основі визначених сортів-еталонів. Під час проведення ВОС-тесту застосовуються відповідні бали якісних ознак, потрібні для створення цифрових кодових формул сорту [32]. Бальна оцінка широко застосовується у селекційній практиці для оптимізації процедури обліку значень кількісних ознак, виражених фізичними одиницями виміру. Створення релевантних шкал класифікації фізичних значень цих ознак з присвоєнням їм відповідного балу дозволяє під час обліку охоплювати значний простір одномірних оцінок та відображати їх в балах [12, 33, 34]. Інколи застосування бальної системи оцінки є єдиною можливим заходом щодо оцінки селекційно-цінних форм рослин по визначенню розбіжностей між їх ростом і розвитком та фенотипом ознак, що відображають їх онтогенез. Відмінність між селекційно-цінними зразками рослин, у яких рівень прояву ознак виражено в балах можна оцінити за непараметричними критеріями [35]. Ці критерії можуть бути корисними під час аналізу відмінностей селекційного матеріалу, зосереджуючи увагу на взаємозв'язку ознак, що разом характеризують відповідні інтегровані властивості і впливають на прояви макроскопічної мінливості. Особливо це стосується особливостей формування вегетативної сфери або загальної життєвої форми у межах певного набору ознак, які їх визначають.

Мета дослідження — визначити особливості мутагенного впливу γ -опромінювання і біологічно-активних речовин мутагенної дії на генотипову мінливість якісних ознак листової пластинки рослин салату листового вегетативної фази розвитку та дослідити кореляційні зв'язки між асоціацією якісних ознак, що визначають фенотип справжнього листка і кількісними ознаками ліній салату листового мутантного походження.

МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ

Полюві дослідження проводилися протягом 2021–2023 років на експериментальному полі Дослідної станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН (с. Бакланово Чернігівської області). Агрокліматична зона проведення досліджень — Північний Лісостеп України. Об'єктом досліджень слугували мутантні лінії салату листкового покоління М₃–М₅, створені методами фізичного і хімічного мутагенезу на основі вітчизняного сорту Шар малиновий. Для отримання мутантних форм салату проводили передпосівну обробку повітряно-сухого насіння препаратами мутагенної дії, з яких диметилсульфат (ДМС) є еталонним препаратом, а ДМУ-1 і ДМУ-5 його хімічними аналогами вітчизняного виробництва (табл. 1). Проводилася передпосівна обробка насіння водними розчинами вищевказаних препаратів (концентрації 0,1 і 0,05 % протягом 3, 6 і 18 год.). Контрольний варіант передбачав замочування насіння салату у дистильованій воді за вищевказаних експозицій. Кожен з дослідних зразків салату висівали на облікових ділянках площею 4,2 м², за норми висіву насіння 0,9 г/діл. у чотирьох кратній повторності. У 2019 році було одержане мутантне покоління М₁. Протягом 2021–2023 років за проявом кількісних і якісних ознак вивчалися мутантні зразки покоління М₃–М₅, які на той час за ступенем генетичної однорідності і стабільності спадкування фенотипових ознак відповідали лінійним генотипам.

Таблиця 1. Схема досліду з розширення генотипової мінливості салату листкового сорту Шар малиновий методами фізичного і хімічного мутагенезу

Table 1. Scheme of the experiment on expansion of genotypic variability of Shar malynovyi lettuce variety by methods of physical and chemical mutagenesis

№ вар. досліду	Мутагенний чинник	Доза обробки насіння γ-опроміненням та експозиція дії мутагенної речовини
1.	Контроль	Без обробки
2.	γ-опромінювання	7 кР
3.		11 кР
4.		15 кР
5.	Диметилсульфат (ДМС)	3 год.
6.		6 год.
7.		18 год.
8.	ДМУ-1	3 год.
9.		6 год.
10.		18 год.
11.	ДМУ-5	3 год.
12.		6 год.
13.		18 год.

Візуальними спостереженнями за ростом і розвитком мутантних ліній було виявлено їх генетично успадковані відмінності від вихідної форми, сорту Шар малиновий, за морфолого-ідентифікаційними ознаками справжнього листка. Зокрема, було виявлено відмінності у 16 якісних ознак з 17 проаналізованих, що визначають фенотип листової пластинки. Ідентифікацію проводили у відповідності до методики-класифікатору Українського Інституту експертизи сортів рослин різних видів салату посівного [32]. Детальний перелік якісних ознак наведено в таблиці 3 розділу статті “Результати та обговорення”.

Для визначення відмінностей фенотипового різноманіття справжніх листків між мутантними лініями і вихідним сортом застосовували методи непараметричної статистики [36]. Зокрема, для статистичної обробки даних рівнів прояву якісних ознак, виражених через бальну оцінку проводили за допомогою дисперсійного аналізу Фрідмана, також, проводили розрахунки коефіцієнту конкордації Кендала (W) і коефіцієнту кореляції Спірмана (r_s). Статистичну обробку результатів досліджень здійснювали за допомогою пакету прикладних програм STATISTICA 12 (StatSoft ® Inc., USA).

Однією з методичних вимог використання критеріїв непараметричної статистики до досліджуваної вибірки якісних ознак є потреба у нормуванні їх величин до однієї одиниці виміру [36]. У запропонованій методиці-класифікаторі для оцінки морфолого-ідентифікаційних якісних ознак, що описують фенотип справжнього листка, використовуються різні діапазони варіювання балів: від 1 до 2; від 1 до 3; від 1 до 4; від 1 до 7; від 3 до 7; від 1 до 9. Відсутність фенотипових проявів ознаки позначалася одиничним балом. Для уніфікації використаних шкал при оцінюванні було застосовано розрахунок індексу нормованих значень. Зіставлення асоціації якісних ознак у мутантних лініях здійснювалося не за вихідними шкалами балів, а за розрахованими індексами нормованих значень.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ОБГОВОРЕННЯ

За дії різних мутагенних чинників створено 17 мутантних ліній, похідних від вихідної форми — сорту Шар малиновий (табл. 2).

Таблиця 2. Мутантні форми салату листового (M_1), створенні в результаті індукованого мутагенезу, 2019 р.

Table 2. Mutant forms of leaf lettuce (M_1), created as a result of induced mutagenesis, 2019.

№ з/п	Мутагенний фактор	Варіант дослід з передпосівної обробки насіння	Назва зразку, згідно з каталогом (№ кат.)
1.	Вихідна форма		Сорт Шар малиновий (к-7431)
2.	γ-промені	опромінювання дозою 11 кР	ШМ(11) (к-7426)
3.			ШМ-1(11) (к-7404(1))
4.			ШМ-2(11) (к-7404(2))
5.		опромінювання дозою 15 кР	ШМ-1(15) (к-7409(1))
6.			ШМ-2(15) (к-7409(2))
7.			ШМ-3(15) (к-7409(3))
8.			ШМ-4(15) (к-7409(4))
9.	Препарат ДМУ-5	експозиція замочування 18 год.	ШМ(18) (к-7393)
10.	Препарат ДМС (еталон)	експозиція замочування 6 год.	ШМ-1(6) (к-7419(1))
11.			ШМ-2(6) (к-7419(2))
12.			ШМ(6) (к-7390)
13.	Препарат ДМУ-1	експозиція замочування 3 год.	ШМ-1(3) (к-7411(1))
14.			ШМ-2(3) (к-7411(2))
15.			ШМ(3) (к-7382)
16.			ШМ(3) (і.в.-1) (к-7383)
17.			ШМ(3) (і.в.-2) (к-7384)
18.			ШМ(3) (і.в.-3) (к-7385)

Аналіз якісних ознак мутантних ліній, похідних від даного сорту, було проведено у 2022 році на поколінні М₄. На той час створені мутантні лінії знаходилися у розсаднику конкурсного сортовипробування після трирічного відбору на стабільність прояву кількісних ознак. У виділених мутантних ліній були виявлені морфологічні відмінності від вихідної форми за морфологією, жилкуванням, формою краю і забарвленням листової пластинки. Відповідно до проведеного аналізу 17 якісних ознак, у об'єднаній вибірки 17 ліній і вихідної форми встановлено, що 1 ознака мала 5 ступенів прояву, 7 ознак — 4 ступеню прояву, 5 ознак — 3 ступеню прояву, 2 ознаки — 3 ступеню прояву і 1 ознака — 1 ступень прояву.

Найбільшій мінливості зазнала ознака «*Форма листової пластинки*», не змінилася ознака «*Розсіченість краю листової пластинки*». Асоціація з 7 ознак, що ідентифікують морфологію листової пластинки та її жилкування, мала 23 ступеня прояву. Асоціація з 6 ознак, що ідентифікують забарвлення листової пластинки, мала 20 ступенів прояву. Асоціація з 4 ознак, що ідентифікують форму краю листової пластинки, мала 12 ступенів прояву (табл. 3).

Відмінності між мутаційними зразками проводилися за обраними критеріями шляхом порівняння середніх значень індексів нормованих значень балів якісних ознак (рангів), які були виявлені в результаті дії мутагенних чинників. Результати розрахунків надано в таблиці 4. Діаграму за результатами рангового дисперсійного аналізу Фрідмана, представлено на рис. 1. Отримані дані засвідчили наявність відмінностей між сортом Шар малиновий та мутантними лініями за фенотипом справжнього листка. Критерієм відмінності асоціації досліджуваних якісних ознак відібраних зразків салату листового є порівнювання статистичного показника «*Сума рангів (S_i)*» з критерієм $\chi^2_{\text{експ}}$ [36]. Зокрема, виконання нерівності $S_i > \chi^2_{\text{експ}}$ є підтвердженням присутності мутантних ліній, відмінних від вихідного сорту. За одержаними нашими даними $\chi^2_{\text{експ.}} = 59,69$, у той час як інтервал значень показника «*Сума рангів*» становив $S_i = 112,5 \dots 222,0$. Отже, експериментально було підтверджено істотні відмінності між сортом Шар малиновий та похідними від нього мутантними лініями за асоціацією якісних ознак (табл. 4). Розрахунок коефіцієнту конкордації Кендала ($W = 0,207$) засвідчив наявність незначної узгодженості між блоками асоційованих якісних ознак кожного дослідного зразку салату листового та наявності значної специфічності за ними. Порівняльну оцінку розбіжностей між мутантними лініями і вихідним сортом проводили, також, за допомогою статистичного показника «*Середній індекс для вибірки*», що входить у дисперсійний аналіз Фрідмана та коефіцієнту кореляції Спірмена (r_s).

Згідно з даними таблиці 4, інтервал варіювання розрахованих коефіцієнтів кореляції Спірмена між сортом і мутантними лініями становив: $r_s = -0,244 \dots 0,327$. За даним коефіцієнтом між мутантними зразками і вихідною формою спостерігалось три виду зв'язку: дуже слабкий $\{\pm 0,0 < r_s < \pm 0,1\}$; слабкий $\{\pm 0,1 < r_s < \pm 0,3\}$; помірний $\{\pm 0,3 < r_s < \pm 0,5\}$.

До групи мутантних ліній з дуже слабкою кореляцією по відношенню до вихідної форми увійшли наступні 6 ліній ($r_s = -0,07 \dots 0,069$): ШМ(11); ШМ-1(11); ШМ-4(15); ШМ-2(3); ШМ(3) (інд. відбір-2); ШМ(3) (інд. відбір-3).

До групи мутантних ліній зі слабкою кореляцією по відношенню до вихідної форми увійшли наступні 9 ліній ($r_s = -0,244 \dots 0,192$): ШМ-1(15); ШМ-2(15); ШМ(18); ШМ-2(6); М(6); ШМ-1(6); ШМ-1(3); ШМ(3); ШМ(3) (інд. відбір-1).

До групи мутантних ліній з помірною кореляцією по відношенню до вихідної форми увійшли наступні 2 лінії ($r_s = 0,30 \dots 0,327$): ШМ-2(11); ШМ-3(15).

Таблиця 3. Індекси нормованих значень балів якісних ознак, що визначають фенотип справжнього листка дослідженої вибірки зразків салату листкового, 2022 р.

Table 3. Indices of normalized values of qualitative characteristics that determine the phenotype of the true leaf of the studied sample of leaf lettuce, 2022

Якісна ознака	Вихідна форма	ШМ(11)	ШМ-1(11)	ШМ-2(11)	ШМ-1(15)	ШМ-2(15)	ШМ-3(15)	ШМ-4(15)	ШМ(18)	ШМ-1(6)	ШМ-2(6)	ШМ(6)	ШМ-1(3)	ШМ-2(3)	ШМ(3)	ШМ(3) (1в-1)	ШМ(3) (1в-2)	ШМ(3) (1в-3)
Розбіжності за морфологією листкової пластинки та жилкування																		
розсіченість краю	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
листок за формою	0,56	0,33	0,22	0,78	0,78	0,10	0,78	0,22	0,22	0,33	0,22	0,78	0,78	0,10	0,78	0,22	0,10	0,22
форма верхівки	1,0	0,67	1,0	0,67	1,0	0,67	0,67	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,33	1,0	0,67	1,0	0,67
глянсуватість з верхнього боку	0,43	1,0	0,43	0,43	1,0	0,71	0,14	0,43	0,71	0,71	0,43	0,43	1,0	0,43	0,71	0,43	0,43	0,43
пухирчастість	0,56	0,33	0,33	0,10	0,33	0,33	0,10	0,10	0,33	0,33	0,10	0,56	0,78	0,10	0,56	0,56	0,10	0,33
пухирі за розміром	0,43	0,71	0,71	0,71	0,43	0,71	0,43	0,43	0,43	0,71	1,0	1,0	0,71	0,43	0,71	0,71	0,14	0,71
жилкування	1,0	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
Розбіжності за формою краю листкової пластинки																		
хвилястість краю	1,0	0,33	0,33	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,33	0,56	0,10	0,33	0,33	0,33	0,33	0,10	0,10
розсіченість краю верхівки	1,0	0,10	0,10	1,0	1,0	0,10	1,0	0,10	0,10	1,0	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	1,0	0,10	1,0
глибина розсіченості краю верхівки	0,71	0,14	0,14	0,43	0,43	0,14	0,43	0,14	0,14	0,71	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,43	0,14	0,43
ступінь розсіченості краю верхівки	0,56	0,10	0,10	0,33	0,56	0,10	0,33	0,10	0,10	0,33	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,33	0,10	0,56
Розбіжності за забарвленням листкової пластинки																		
відтінок зеленого забарвлення	0,75	1,0	0,25	0,25	0,50	0,25	1,0	0,50	0,25	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25	0,25	0,25	0,25
інтенсивність забарвлення зовнішніх листків	0,56	0,78	0,33	0,56	0,33	0,56	0,33	0,10	0,33	0,56	0,33	0,33	0,56	0,56	0,56	0,56	0,56	0,56
антоціанове забарвлення	1,0	1,0	0,10	1,0	1,0	0,10	1,0	0,10	0,10	1,0	0,10	1,0	0,10	1,0	0,10	0,10	0,10	0,10
інтенсивність антоціанового забарвлення	0,56	0,33	0,10	0,10	0,33	0,10	0,33	0,10	0,10	0,56	0,10	0,10	0,10	0,33	0,10	0,10	0,10	0,10
поширення антоціанового забарвлення	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	1,0	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
тип поширення антоціанового забарвлення	0,33	1,0	0,33	0,33	1,0	0,33	1,0	0,33	0,33	1,0	0,33	0,33	0,33	1,0	0,33	0,33	0,33	0,33

Таблиця 4. Виявлені відмінності за досліджуваними якісними ознаками між мутантними лініями і вихідною формою
 Table 4. Differences identified in the studied qualitative characteristics between mutant lines and the original form

№ з/п	Мутантна лінія	№ каталогу	Коефіцієнт кореляції Спірмена, r_s , ¹	Розрахунки за дисперсійним аналізом Фрідмана ²		
				Сума рангів (S_i)	Середній ранг вибірки	Середньо квадратичне відхилення для вибірки
1.	Шар малиновий	(к-7431)	-	222,0	13,06	0,65
2.	ШМ(11)	(к-7426)	-0,068	193,0	11,35	0,53
3.	ШМ-1(11)	(к-7404(1))	-0,064	134,50	7,91	0,33
4.	ШМ-2(11)	(к-7404(2))	0,30*	162,0	9,53	0,47
5.	ШМ-1(15)	(к-7409(1))	0,171	199,0	11,71	0,58
6.	ШМ-2(15)	(к-7409(2))	-0,244	128,50	7,56	0,32
7.	ШМ-3(15)	(к-7409(3))	0,327*	171,0	10,06	0,52
8.	ШМ-4(15)	(к-7409(4))	-0,07	115,50	6,79	0,29
9.	ШМ(18)	(к-7393)	-0,172	126,0	7,41	0,32
10.	ШМ-1(6)	(к-7419(1))	0,192	230,0	13,53	0,64
11.	ШМ-2(6)	(к-7419(2))	0,094	144,0	8,47	0,36
12.	ШМ(6)	(к-7390)	0,104	162,0	9,53	0,45
13.	ШМ-1(3)	(к-7411(1))	-0,102	176,50	10,38	0,45
14.	ШМ-2(3)	(к-7411(2))	0,023	148,50	8,74	0,40
15.	ШМ(3)	(к-7382)	-0,120	164,0	9,65	0,41
16.	ШМ(3) (і.в.-1)	(к-7383)	0,146	164,0	9,65	0,42
17.	ШМ(3) (і.в.-2)	(к-7384)	-0,037	112,50	6,62	0,28
18.	ШМ(3) (і.в.-3)	(к-7385)	0,069	154,0	9,06	0,41

Примітки:

1. Достовірність значень (*) підтверджена на рівні значущості $p < 0,05$.

2. Коефіцієнт конкордації Кендала (W) дорівнював 0,207, при значенні $\chi^2_{\text{експ.}} = 59,69$, яке перевищувало $\chi^2_{\text{табл.}} = 27,59$. Таким чином, статистично достовірна значимість коефіцієнту W підтверджена на 5 %-му рівні значущості, середнє рангових кореляцій $r = 0,157$.

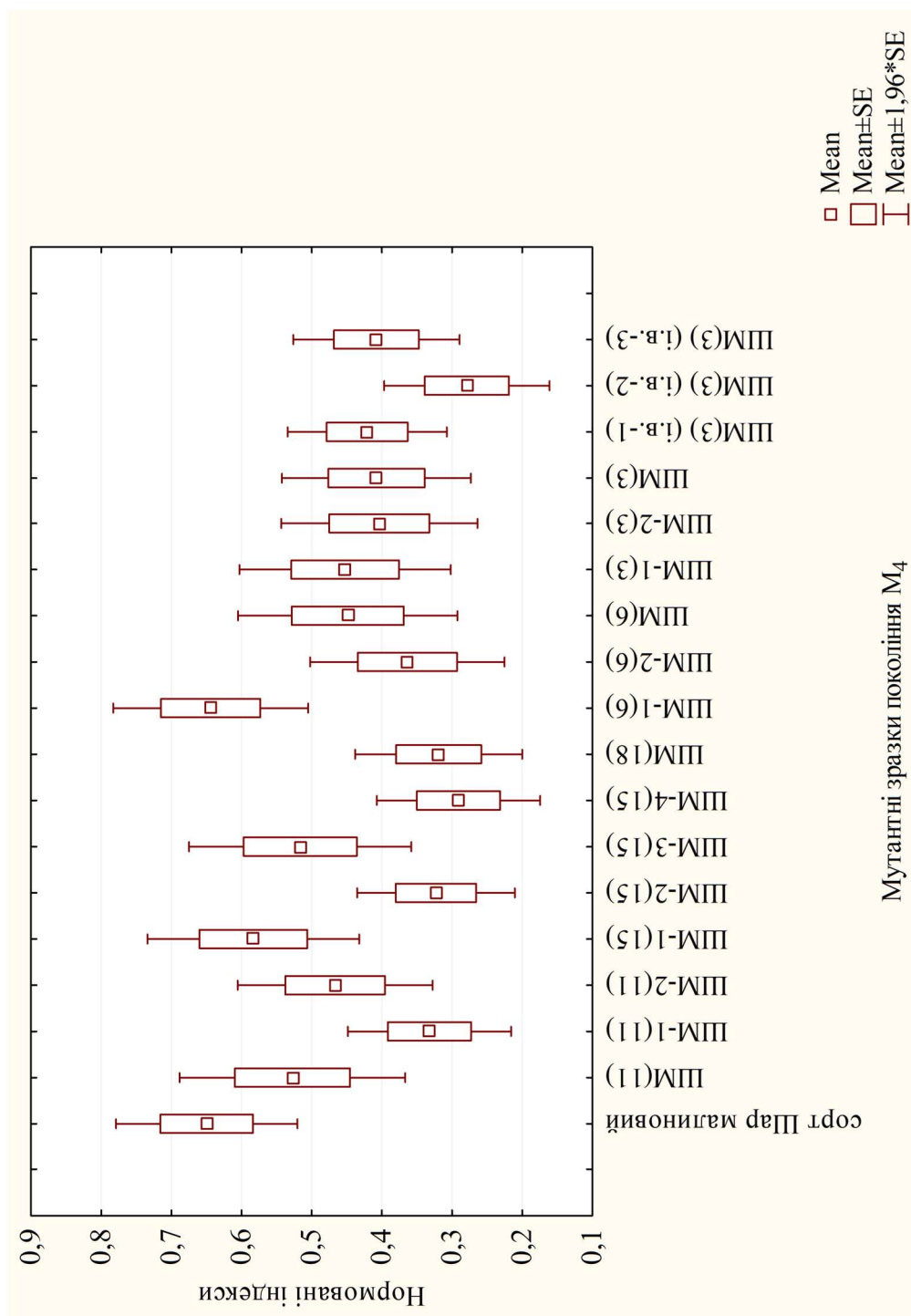


Рис. 1. Діаграма порівняльної відмінності мутантних ліній салату листкового, похідних від сорту Шар малиновий за генотиповими середніми індексами нормованих індексів, які визначають рівень мінливості асоційованих ознак, які обумовлюють морфологію листкової пластинки (покоління M₄).

Fig. 1 Diagram of comparative difference of mutant lines of lettuce derived from the Shar malinovy variety by genotypic mean indices of normalized values, which determine the level of variability of associated traits that define the morphology of the leaf blade (generation M₄).

Таблиця 5. Диференціація мутагенних чинників за непараметричними критеріями оцінки відмінності мутантних ліній, похідних від сорту салату листкового Шар малиновий за якісними ознаками, які визначають фенотип справжнього листка

Table 5. Differentiation of mutagenic factors according to non-parametric criteria for assessing differences between mutant lines derived from the Shar Malinovyi lettuce variety based on qualitative characteristics that determine the phenotype of the actual leaf

№ з/п	Мутагенний фактор	Варіант дослід з передпосівної обробки насіння	Мутантна лінія	Середній індекс для вибірки	Ліміти варіювання коефіцієнту рангової кореляції Спірмена		
					$\pm 0,0 < r_s < \pm 0,1$	$\pm 0,1 < r_s < \pm 0,3$	$\pm 0,3 < r_s < \pm 0,5$
1.	γ-промені	опромінювання дозою 11 кР	Вихідна форма – сорт Шар малиновий (к-7431)	0,65	-	-	-
2.			ШМ(11) (к-7426)	0,53	+		
3.			ШМ-1(11) (к-7404(1))	0,33	+		
4.			ШМ-2(11) (к-7404(2))	0,47			+
5.		опромінювання дозою 15 кР	ШМ-1(15) (к-7409(1))	0,58		+	
6.			ШМ-2(15) (к-7409(2))	0,32		+	
7.			ШМ-3(15) (к-7409(3))	0,52			+
8.			ШМ-4(15) (к-7409(4))	0,29	+		
9.	Препарат ДМС (еталон)	експозиція замочування 6 год.	ШМ-1(6) (к-7419(1))	0,64		+	
10.			ШМ-2(6) (к-7419(2))	0,36	+		
11.			ШМ(6) (к-7390)	0,45		+	
12.			ШМ(18) (к-7393)	0,32		+	
13.	Препарат ДМУ-1	експозиція замочування 18 год.	ШМ-1(3) (к-7411(1))	0,45		+	
14.			ШМ-2(3) (к-7411(2))	0,40	+		
15.			ШМ(3) (к-7382)	0,41		+	
16.		експозиція замочування 3 год.	ШМ(3) (і.в.-1) (к-7383)	0,42		+	
17.			ШМ(3) (і.в.-2) (к-7384)	0,28	+		
18.			ШМ(3) (і.в.-3) (к-7385)	0,41	+		

При цьому найбільш віддаленою за фенотипом листової пластинки була лінія ШМ-3 (інд. відбір-2) ($r_s = -0,037$), найбільш спорідненою – ШМ-3(15) ($r_s = 0,327$).

На діаграмі, яка відображає порівняльну оцінку мутантних ліній і вихідної форми за асоціацією досліджуваних якісних ознак, варіювання середніх індексів вибірки знаходилися як в межах похибки варіювання даного статистичного показника для сорту Шар малиновий, так і поза цією межею (рис. 1).

Згідно з даними діаграми, на рис. 1 і таблиці 4 виділено 6 мутантних ліній, які мали суттєві значення показника «Середній індекс для вибірки», що статистично достовірно відрізнялися від аналогічного показнику сорту Шар малиновий (0,65): ШМ-1(11) (0,33); ШМ-2(15) (0,32); ШМ-4(15) (0,29); ШМ(18) (0,32); ШМ-2(6) (0,36); ШМ(3) (інд. відбір-2) (0,28). За ранговим коефіцієнтом кореляції Спірмена дані мутантні лінії мали переважно негативні, дуже слабкої сили зв'язки із сортом Шар малиновий ($r_s = -0,244...0,094$). Винятком були лінії ШМ-2(15) ($r_s = -0,244$) і ШМ(18) ($r_s = -0,172$), які відзначилися слабкою кореляцією.

Рослини мутантних ліній салату листового покоління М₄ представлено на рис. 2.

Після визначення рівнів прояву якісних ознак було проведено кореляційний аналіз між ними та кількісними ознаками рослин вегетативної фази розвитку рослин усієї дослідженої вибірки зразків салату листового.

Розрахунки кореляцій проводилося за парного порівняння 7 селекційно-цінних кількісних ознак, що є структурними компонентами урожайності зі статистичним показником «Середній індекс для вибірки», який для кожного дослідного зразка є інтегральним критерієм асоціації якісних ознак, що формують фенотип справжнього листка (табл. 6). Розрахунок коефіцієнту кореляції проводили із залученням не тільки мутантних ліній, а й вихідного сорту салату листового Шар малиновий. Базу даних кількісних ознак було сформовано за результатами біометричних вимірювань мутантних ліній покоління М₃–М₅ і вихідного сорту, які вирощувалися у польових умовах протягом 2021–2023 років.

Таблиця 6. Коефіцієнт кореляції Спірмена r_s між ступенем прояву досліджуваної асоціації якісних ознак та рівнями прояву кількісних ознак рослин салату листового вегетативної фази розвитку

Table 6. Spearman's correlation coefficient r_s between the degree of manifestation of the studied association of qualitative characteristics and morpho-physiological indicators of the growth of leaf lettuce plants in the vegetative phase of development

Рівень прояву кількісних ознак Філогенетично споріднена група генотипів салату листового	Висота розетки рослин, см	Ширина розетки рослин, см	Ширина листка, см	Довжина листка, см	Кількість листків на одній рослині, шт.	Маса однієї рослини, г	Урожайність, т/га
Сорт Шар малиновий та похідні від нього 17 мутантних ліній	-0,192	0,206	0,483*	-0,103	-0,066	-0,253	-0,264

Примітка: * – достовірність підтверджена на рівні значущості $p < 0,05$.

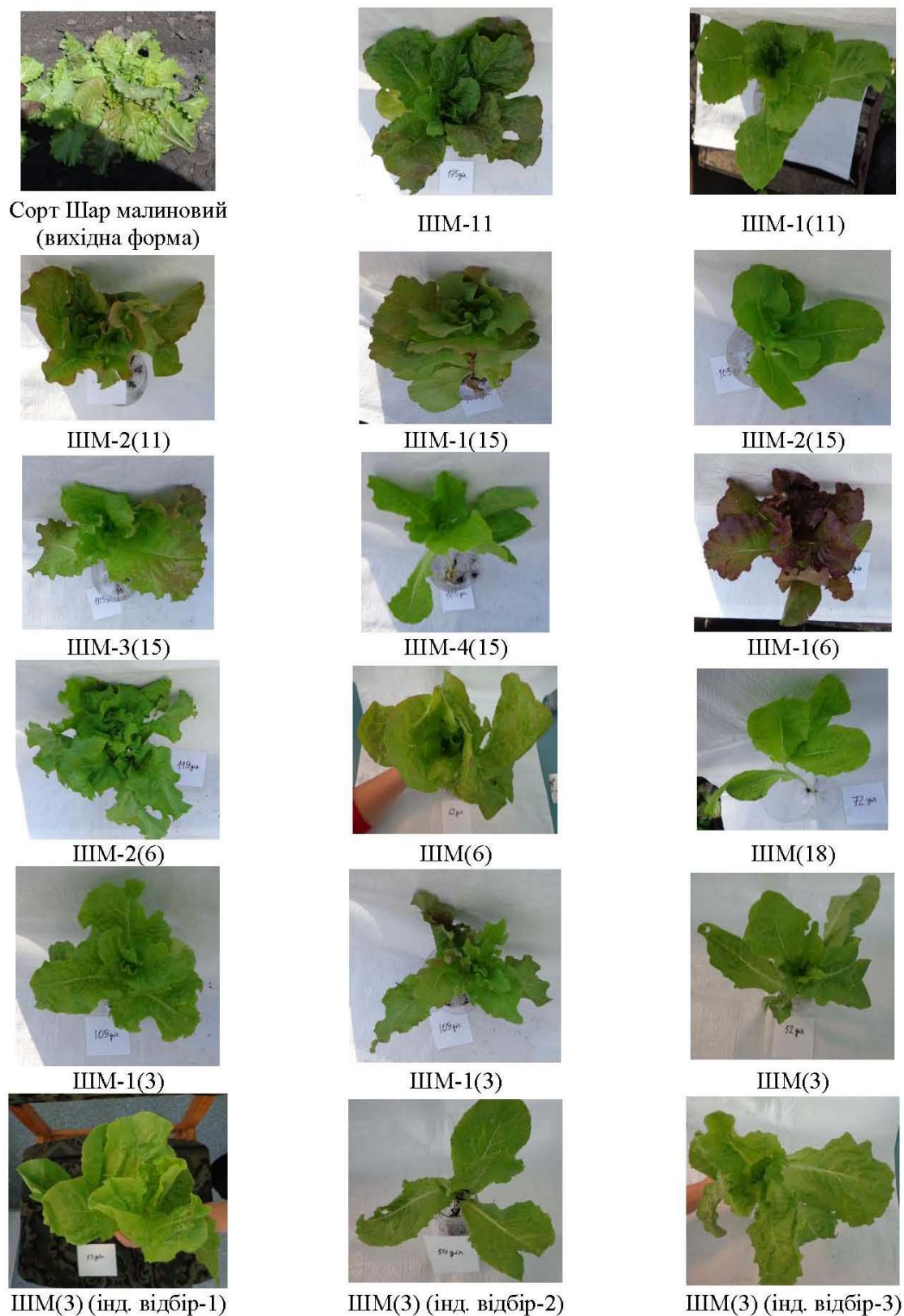


Рис. 2. Генотипове різноманіття рослин мутантних ліній салату листкового вегетативної фази розвитку, похідних від сорту Шар малиновий.

Fig. 2. Genotypic diversity of plants of mutant lines of lettuce of the vegetative phase of development derived from the Shar malynoviy variety.

Підтверджено статистично достовірне значення коефіцієнту кореляції Спірмена для пари показників «Середній індекс для вибірки» та ознакою «Ширина листка» ($r_s = 0,483$) (табл. 6). Ця ознака є важливою в аспекті прогнозу потенційною продуктивності салатних рослин, оскільки є структурним компонентом урожайності листової маси під час проходження вегетативної фази розвитку рослин. Інші кореляції слід віднести до дуже слабких або слабких $\{\pm 0,0 < r_s < \pm 0,3\}$. Отже, усі виявленні мутаційні зміни асоціації якісних ознак, що визначають фенотип листової пластинки мали позитивну тенденцію до збільшення ширини листків. Цей експериментальний факт підтверджується тим, що усі 17 мутантних ліній перевищували сорт Шар малиновий за продуктивністю рослин на 3,5–45,0 %.

ВИСНОВКИ

Таким чином, в результаті випробування різних доз γ -опромінювання, трьох препаратів мутагенної дії ДМУ-1, ДМУ-5 та ДМС (еталон) підтверджено їх високу ефективність в індукції мутаційних змін в геномі салату листового, пов'язаних з морфологією листової пластинки. Серед застосованих мутагенних чинників найбільшу ефективність виявив препарат ДМУ-1 за дії якого одержано 6 мутантних ліній. За дії γ -опромінювання дозою 15 кР одержано 4 лінії. За дії γ -опромінювання дозою 11 кР і ДМС створено по 3 лінії, відповідно. За використання препарату ДМУ-5 одержано 1 лінію.

Методами непараметричної статистики проведено порівняльний аналіз розбіжностей за 17 якісними ознаками, що визначають фенотип листової пластинки між вихідною формою (сортом Шар малиновий) та 17 мутантними лініями, що від неї походять. За розрахунками коефіцієнту рангової кореляції Спірмена (r_s) спостерігалися від дуже слабкої до помірної сили кореляції ($r_s = -0,037 \dots 0,327$) між проявом досліджених якісних ознак у вихідній формі і похідних від неї 17 мутантних ліній. Відповідно до проведеної диференціації найбільш відмінними від вихідної форми виявилися 7 ліній – ШМ-2(3), ШМ(3) (інд. відбір-2), ШМ(3) (інд. відбір-3), ШМ(11) і ШМ-1(11), ШМ-4(15) і ШМ-2(6) ($r_s = -0,07 \dots 0,094$).

Встановлено, що помірної сили кореляція ($r_s = 0,483$) мала місце при порівняльному аналізі статистичного показника «Середній індекс для вибірки» та кількісної ознаки «Ширина листка» дослідженої вибірки мутантних ліній і вихідної форми. Отже, усі виявленні мутаційні зміни асоціації якісних ознак, що визначають фенотип листової пластинки, мали позитивну тенденцію до збільшення ширини листків. Цей експериментальний факт підтверджується тим, що усі 17 мутантних ліній перевищували сорт Шар малиновий за урожайністю на 3,5–45,0 %.

ПОДЯКА

Це дослідження фінансувалося в рамках виконання завдання II-го рівня 18.00.01.14.Ф «Вивчити дію індукованого мутагенезу з метою отримання мутацій для покращення генофонду малопоширених видів овочевих рослин» (№ державної реєстрації 0116U000046) ПНД НААН 18 «Овочівництво і баштанництво».

КОНФЛІКТ ІНТЕРЕСІВ

Автори заперечують будь-який конфлікт інтересів.

Authors' ORCID ID

Serhii Kondratenko  <https://orcid.org/0000-0002-8859-1604>

Olga Gorobchenko  <https://orcid.org/0000-0003-1580-0679>

Zakhar Linnik  <https://orcid.org/0000-0003-0364-3522>

Svitlana Kormosh  <https://orcid.org/0000-0002-1694-8280>

Inna Mytenko  <https://orcid.org/0000-0001-8571-937X>

Oleksandr Pozniak  <https://orcid.org/0000-0002-6659-3238>

Lesia Chaban  <https://orcid.org/0000-0002-0854-3443>

REFERENCES

1. Corrêa Alves PI, Valente Gandra TK, Avila Gandra E. Microbiological analysis of lettuce (*Lactuca sativa*) from conventional and organic cultivation commercialized at fairs in Brazil. *SDRP Journal of Food Science & Technology*. 2018;3(2):1–8. <https://doi.org/10.25177/JFST.3.2.4>
2. Kovácsné Madar Á, Takácsné Hájos M. Agronomic evaluation of different lettuce (*Lactuca sativa* L.) varieties under unheated plastic tunnel. *International Journal of Horticultural Science*. 2022;28:50–6. <https://doi.org/10.31421/ijhs/28/2022/10314>
3. Medina-Lozano I, Bertolín JR, Díaz A. Nutritional value of commercial and traditional lettuce (*Lactuca sativa* L.) and wild relatives: Vitamin C and anthocyanin content. *Food Chemistry*. 2021;359:129864. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.129864>
4. Arnold PA, Kruuk LEB, Nicotra AB. How to analyse plant phenotypic plasticity in response to a changing climate. *New Phytologist*. 2019;222:1235–41. <https://doi.org/10.1111/nph.15656>
5. Damerum A, Chapman MA, Taylor G. Innovative breeding technologies in lettuce for improved post-harvest quality. *Postharvest Biology and Technology*. 2020;168:111266. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2020.111266>
6. Ferreira C, Lopes F, Costa R, Komora N, Ferreira V, Cruz Fernandes V, et al. Microbiological and Chemical Quality of Portuguese Lettuce – Results of a Case Study. *Foods*. 2020;9(9):1274. <https://doi.org/10.3390/foods9091274>
7. Acquaah G. Principles of Plant Genetics and Breeding [Internet]. Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd; 2012. <https://doi.org/10.1002/9781118313718>
8. Hassan MN, Mekkiaw SA, Mahdy M, Salem KFM, Tawfik E. Recent molecular and breeding strategies in lettuce (*Lactuca* spp.). *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2021;68(8):3055–79. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01246-w>
9. Patella A, Palumbo F, Galla G, Barcaccia G. The Molecular Determination of Hybridity and Homozygosity Estimates in Breeding Populations of Lettuce (*Lactuca sativa* L.). *Genes*. 2019;10(11):916. <https://doi.org/10.3390/genes10110916>
10. Batista MF, De Souza LA. Flower structure in ten *Asteraceae* species: considerations about the importance of morpho-anatomical features at species and tribal level. *Revista Brasileira de Botânica*. 2016;40(1):265–79. <https://doi.org/10.1007/s40415-016-0312-9>
11. Han R, Truco MJ, Lavelle DO, Michelmore RW. A Composite Analysis of Flowering Time Regulation in Lettuce. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:632708. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.632708>
12. Křístková E, Doležalová I, Lebeda A, Vinter V, Novotná A. Description of morphological characters of lettuce (*Lactuca sativa* L.) genetic resources. *Horticultural Science*. 2008;35(3):113–29. <https://doi.org/10.17221/4/2008-HORTSCI>
13. Mou B. Mutations in Lettuce Improvement. *International Journal of Plant Genomics*. 2012;2011:723518. <https://doi.org/10.1155/2011/723518>
14. Marcu D, Cristea V, Daraban L. Dose-dependent effects of gamma radiation on lettuce (*Lactuca sativa* var. *capitata*) seedlings. *International Journal of Radiation Biology*. 2012;89(3):219–23. <https://doi.org/10.3109/09553002.2013.734946>
15. Cheng J, Lu H, He X, Yang Z, Zhou J, Cen K. Enhancing growth rate of lettuce by mutating lettuce seeds with nuclear irradiation. *Carbon Resources Conversion*. 2018;1(1):55–60. <https://doi.org/10.1016/j.crcon.2018.05.001>
16. Gurdon C, Poulev A, Armas I, Satorov S, Tsai M, Raskin I. Genetic and Phytochemical Characterization of Lettuce Flavonoid Biosynthesis Mutants. *Scientific Reports*. 2019;9:3305. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-39287-y>
17. Kondratenko SI, Mitenko IM, Krutko RV, Dul'nev PG. Adaptive potential of the gene pool of leaf lettuce, created by the method of induced mutagenesis on the basis of the domestic cultivar Velmozh. *Scientific Reports of NULES of Ukraine*. 2018;72(2). (in Ukrainian). <https://doi.org/10.31548/dopovidi2018.02.013>
18. Ohki S, Hatashita M. Mutation breeding by ion beam in lettuce (*Lactuca sativa* L.) using an *in vitro* regeneration system. *Acta Hort.* 2012;961:285–90. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2012.961.37>
19. Franco CH, dos Santos VHM, Silva LP, Arthur V, Silva RMG. Mutagenic potential of lettuce grown from irradiated seeds. *Scientia Horticulturae*. 2015;182:27–30. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.11.011>
20. Begum T, Dasgupta T. A comparison of the effects of physical and chemical mutagens in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Genet. Mol. Biol.* 2010;33(4):761–6. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572010005000090>

21. Kodym A, Afza R, Forster BP, Ukai Y, Nakagawa H, Mba C. Methodology for physical and chemical mutagenic treatments. In: Shu QY, Forster BP, Nakagawa H. Plant mutation breeding and biotechnology [Internet]. CABI Digital Library; 2012. p. 169–80. <https://doi.org/10.1079/9781780640853.0169>
22. Kodym A, Afza R. Physical and Chemical Mutagenesis. In: Grotewold E, editor. Plant Functional Genomics. Methods in Molecular Biology™. Humana Press; 2003. V. 236. p. 189–203. <https://doi.org/10.1385/1-59259-413-1:189>
23. Saima Mir A, Maria M, Muhammad S, Mahboob Ali S. Potential of Mutation Breeding to Sustain Food Security [Internet]. Genetic Variation. IntechOpen; 2021. <https://doi.org/10.5772/intechopen.94087>
24. Huo H, Henry IM, Coppoolse ER, Verhoef-Post M, Schut JW, de Rooij H, et al. Rapid identification of lettuce seed germination mutants by bulked segregant analysis and whole genome sequencing. The Plant Journal. 2016;88(3):345–60. <https://doi.org/10.1111/tpj.13267>
25. Sorel M, Svanella-Dumas L, Candresse T, Acelin G, Pitarch A, Houvenaghel MC, et al. Key Mutations in the Cylindrical Inclusion Involved in Lettuce mosaic virus Adaptation to eIF4E-Mediated Resistance in Lettuce. Molecular Plant-Microbe Interactions. 2014;27(9):1014–24. <https://doi.org/10.1094/MPMI-04-14-0111-R>
26. Du J, Li B, Lu X, Yang X, Guo X, Zhao C. Quantitative phenotyping and evaluation for lettuce leaves of multiple semantic components. Plant Methods. 2022;18:54. <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00890-2>
27. Bauer A, Bostrom AG, Ball J, Applegate C, Cheng T, Laycock S, et al. Combining computer vision and deep learning to enable ultra-scale aerial phenotyping and precision agriculture: A case study of lettuce production. Horticulture Research. 2019;6:70. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0151-5>
28. Bar M, Ori N. Leaf development and morphogenesis. Development. 2014;141(22):4219–30. <https://doi.org/10.1242/dev.106195>
29. Ceccarelli S, Grando S. Evolutionary plant breeding as a response to the complexity of climate change. iScience. 2020;23(12):101815. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101815>
30. Ewing PM, Runck BC, Kono TYJ, Kantar MB. The home field advantage of modern plant breeding. PLoS ONE. 2019;14(12):e0227079. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227079>
31. Guo Z, Li B, Du J, Shen F, Zhao Y, Deng Y, et al. LettuceGDB: The community database for lettuce genetics and omics. Plant Communications. 2023;4(1):100425–5. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2022.100425>
32. Kondratenko SI, Mohylina OM, Khareba OV, Leshchuk NV, Khareba VV, Kuts OV, et al. Metodyka-klasifikator provedennia ekspertyzy sortiv salatu posivnoho (*Lactuca sativa* L.) na vidminnist, odnoridnist i stabilnist [Classification methodology expertise *Lactuca sativa* L. for the demand, odnority and stabilisation]. 2nd ed. Vinnytsia: TOV Tvory; 2019. 65 p. (in Ukrainian). Available from: https://www.sops.gov.ua/uploads/publication/2019/Salat_t.pdf
33. Seyyed H, Mousavi, Hassandokht M, Choukan R, Sepahvand N, Khosrowchali M, et al. Assessment of Qualitative and Quantitative Traits in Commercial Iranian Lettuce (*Lactuca sativa* L.) Genotypes. Annals of Biological Research. 2012;3(9):4352–61. Available from: <https://www.scholarsresearchlibrary.com/articles/assessment-of-qualitative-and-quantitative-traits-in-commercial-iranian-lettuce-lactuca-sativa-l-genotypes.pdf>
34. Basnet KM, Adhikari NR, Pandey MP. Multivariate Analysis among the Nepalese and Exotic Mungbean (*Vigna Radiata* L. Wilczek) Genotypes Based on the Qualitative Parameters. Universal Journal of Agricultural Research. 2014;2(5):147–53. <https://doi.org/10.13189/ujar.2014.020502>
35. Macfarland TW, Yates JM. Introduction to Nonparametric Statistics for the Biological Sciences Using R. Cham Springer International Publishing; 2016. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-30634-6>
36. Litun PP, Kyrychenko VV, Petrenkova VP, Kolomatska VP. Systemnyi analiz v selektsii polovykh kultur. Navchalnyi posibnyk [System analysis in field crop breeding. Study guide]. Kharkiv: Yutiev Plant Production Institute of NAAS; 2009. 354 p. (in Ukrainian).

ANALYSIS OF PHENOTYPIC DIVERSITY OF TRUE LEAVES IN LETTUCE LINES (*LACTUCA SATIVA* VAR. *SECALINA* L.) CREATED BY PHYSICAL AND CHEMICAL MUTAGENESIS

S. I. Kondratenko¹ , O. A. Gorobchenko^{2,*} , Z. P. Linnik² ,
S. M. Kormosh³ , I. M. Mytenko³ , O. V. Pozniak⁴ , L. V. Chaban⁴ 

¹Department of Selection and Seed Production of Vegetables and Melons, Institute of Vegetable and Melon Growing of NAAS, 1 Institutaska str., Selektysyne village, Kharkiv district, Kharkiv region, 62478, Ukraine,

²Department of Molecular and Medical biophysics, V. N. Karazin Kharkiv National University, 4 Svobody Sq., Kharkiv, 61022, Ukraine

³Laboratory of Vegetable and Spice Crops, Institute of Agrarian Resources and Regional Development of NAAS, 17 Svobody Ave., V. Bakta village, Beregov district, Zakarpattia region, 90252, Ukraine,

⁴Laboratory of Vegetable Plant Breeding and Technology, Research station “Mayak” of Institute of Vegetable and Melons Growing of NAAS, 39, Nezalezhnosti Str., Kruty village, Nizhynskyi district, Chernihivskyi region, 16645, Ukraine

*Corresponding author: gorobchenko@karazin.ua
Submitted August 8, 2025; Revised September 2, 2025;
Accepted November 10, 2025

Background: To expand the genotypic diversity of lettuce (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.), it is advisable to use physical and chemical mutagenesis methods that allow changing beneficial traits of the original form, which can then be stabilized rapidly as a result of inbreeding. Biophysical methods of analysis based on multispectral imaging technologies for phenotypic identification and classification of the studied are not yet sufficiently improved. Therefore, it is advisable to conduct biometric measurements and morphological and identification analyses of the phenotype of mutant genotypes by scoring the levels of manifestation of quality traits.

Objectives: To determine the characteristics of the mutagenic effect of γ -radiation and biologically -active substances of mutagenic action on the genotypic variability of qualitative traits of leaf blade of lettuce plants in the vegetative phase of development and to investigate the correlation between the association of qualitative traits that determine the phenotype of the true leaf and quantitative traits of lettuce lines of mutant origin.

Materials and methods: Non-parametric statistics and criteria for comparing plant objects, methods of botanical classification of leaf lettuce, correlation analysis.

Results: The mutagenic effect of three biologically active substances (DMS (reference), DMU-1, DMU-5) and γ -rays at doses of 11 and 15 kR on the genotypic variability of leaf lettuce based on a set of qualitative characteristics was studied. A comparative analysis of the differences between the qualitative characteristics of the original form (Shar malynovyi variety) and 17 mutant lines created on its basis was carried out. As a result of testing the different mutagens, their high efficiency in inducing mutational changes in the lettuce genome associated with the leaf blade morphology was confirmed. DMU-1 showed the highest efficiency, and 6 mutant lines were obtained under its action. Under the action of γ -irradiation with a dose of 15 kR, 4 lines were obtained. Under the action of γ -irradiation with a dose of 11 kR and DMS, 3 lines were created, respectively.

Conclusions: The established correlations between the levels of qualitative and quantitative traits allow for the selection of potentially high-yielding mutant lines of leaf lettuce depending on the inherited mutational changes that determine the morphology of the real leaf. In particular, it becomes possible to select mutant genotypes based on predicting the level of manifestation of the quantitative trait "Leaf width" ($r_s = 0,483$), which is essential in predicting potential productivity.

KEY WORDS: lettuce lines; real leaves; qualitative and quantitative characteristics; chemical and physical mutagenesis; correlation patterns.