

визначено тісну залежність. Коефіцієнт кореляції для сорту Херсонська безоста становить $r = 0,891$, а Одеська 267 $r = 0,817$.

Таким чином, мінеральні добрива та зрошення впливають на формування у рослин пшениці озимої площі листової поверхні, чисту продуктивність фотосинтезу та фотосинтетичний потенціал упродовж усього вегетаційного періоду. Найсприятливішими ці показники формуються у досліджуваних сортів пшениці озимої за вирощування на фонах застосування мінеральних добрив і сумісного проведення вологозарядкового та вегетаційних поливів.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Кружилин А.С. Биологические особенности и продуктивность орошаемых культур / Кружилин А.С. – М.: Колос, 1977. – 304с.
2. В.В.Гамаюнова, І.О.Конащук. Вплив фону живлення на формування листової поверхні та продуктивності озимого та ярого тритикале в південній зоні України // таврійський науковий вісник № 52. – Херсон. – 2007. – С. 56-60.
3. Носатовский А.И. Пшеница – Колос, 1965. С.197-203.
4. Писаренко В.А., Коковихін С.В., Писаренко П.В. Рекомендації з режимів зрошення сільськогосподарських культур в Херсонській області. – Херсон: Айлант. – 2005 – 20 с.
5. Нетіс І.Т., Подкопай І.І. Вплив водопостачання та мінерального живлення на фотосинтез і продуктивність озимої пшениці // Темат. Наук. Зб. Зрошуване землеробство. – Вип. 26. – К.: Урожай, 1981. – С. 21-26.

УДК 633.15:575.085

ЧАСТОТИ SNP-АЛЕЛІВ У ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ

Борисова В.В.,

Черчель В.Ю. – к.с.-г.н.,

Дзюбецький Б.В. – д.с.-г.н., професор, академік НААН

Сатарова Т.М. – д.біол.н., професор, ДУ Інститут сільського господарства степової зони НААН

Постановка проблеми. Відкриття структури ДНК у 1953 році привело до стрімкого розвитку молекулярної генетики, включаючи одну з новітніх галузей – геноміку, яка вивчає принципи організації та функціонування нуклеотидних послідовностей генів і геномів, їх внутрішньовидову та міжвидову варіабельність [1]. Для селекційної практики важливим є розвиток методів порівняльної геноміки для характеристики геномного поліморфізму, визначення його закономірностей прояву серед генофонду селекційного матеріалу та зв'язку з фенотиповим різноманіттям.

При генетичному аналізі та в селекційних дослідженнях використовується поняття “генетичний маркер”, який за [1] є геном або послідовністю ДНК з

відомою локалізацією на хромосомі, які можуть бути використані для ідентифікації хромосом, клітин, організмів і видів, картування хромосом і маркування ознак. До сучасних методів аналізу генетичного ДНК-поліморфізму відносяться RFLP-, PCR- та SNP-технології. Вони здатні забезпечити детекцію варіабельності цілих геномів, але найчастіше порівняння багатьох генотипів між собою за повними геномними характеристиками є складним і не завжди інформативним. Тому в основному сучасні молекулярно-генетичні методи використовуються для аналізу поліморфізму конкретної, заздалегідь визначеної для порівнюваних геномів послідовності ДНК-маркерів. Оцінивши зв'язок поліморфізму ДНК з фенотиповим різноманіттям генофонду за комплексом ознак, можливо вибрати для використання в селекційному процесі такі ділянки ДНК (маркери), які будуть інформативними для прогнозування успадкування, фенотипового прояву ознаки, ступеня гетерозису тощо.

SNP-метод аналізу заснований на оцінці однонуклеотидного поліморфізму ДНК в маркерних сайтах ДНК. Однонуклеотидні заміни відбуваються у будь-яких ділянках геному. У кодуючих послідовностях вони ведуть до зміни в структурі кодованих білків, залежно від місенс- і нонсенс-замін, змінюють послідовність амінокислот протеїну або спричиняють передчасну зупинку трансляції. Для регуляції генної експресії суттєвими є наявність однонуклеотидних замін у регуляторних послідовностях ДНК. Разом з тим, встановлено, що більшість однонуклеотидних замін локалізуються в некодуючих та негенних ділянках геному і через це не відображаються в фенотипі. Саме такі однонуклеотидні заміни використовуються як SNP-маркери для аналізу поліморфізму та в інших дослідженнях [2,3].

Для селекції найбільш цінними напрямками використання SNP-маркерів є аналіз ступеня та характеру варіабельності різноманітних, точно обраних, гомологічних ділянок геному серед особин генофонду. Такий підхід, за визначенням Y. Lu et al. [4], дозволяє диференціювати інбредні лінії та класифікувати їх відносно гетерозисних груп, ідентифікувати пропуски в генетичних колекціях, проводити моніторинг генетичного дрейфу, який має місце під час збереження зародкової плазми, окультурювання та селекції, визначати нові алелі для покращення агрономічних якостей, конструювати репрезентабельні добірки генотипів для колекцій та селекційного процесу. Не менш важливим напрямом використання SNP-маркерів є характеристика локусів, які відповідають за господарсько цінні ознаки для подальшого проведення MAS (маркер-асоційованої селекції). Зокрема, використання набору з 5000 рекомбінантних ліній та 1200 SNP-маркерів сприяло ідентифікації локусів, які контролюють час цвітіння у кукурудзи, та визначити ступінь їх адитивності [5]. Аналіз стійкості до північної листової плямистості з використанням 1,6 млн. SNP-маркерів дозволив локалізувати 29 QT-локусів та ідентифікувати генікандидати, що контролюють різні варіанти прояву цієї ознаки [6]. Запатентовані SNP-маркери фірми Pioneer дозволяють картувати локус кількісної ознаки – вмісту олії та олеїнової кислоти в насінні кукурудзи. Цей локус кодує ацилКоА: диацилгліцеролацилтрансферазу (DGAT1-2), яка каталізує заключний етап синтезу олії [7].

Слід зауважити, що SNP-метод аналізу до останнього часу майже не застосовувався при ідентифікації ліній кукурудзи в Україні, їх поліморфізм не

оцінювався і не порівнювався між собою та з лініями світової селекції, створеними в інших ґрунтово-кліматичних умовах. У зв'язку з цим метою нашої роботи було визначення частоти алелів у маркерних SNP-сайтах ліній вітчизняної селекції та порівняння їх за цими показниками з широкоживаними лініями світового генофонду кукурудзи. Для аналізу та порівняння був обраний алельний стан лише однієї з 10 хромосом кукурудзи, третьої хромосоми, оскільки вона є середньою за довжиною та містить середню кількість маркерів.

Матеріали і методика досліджень. Матеріалом для порівняльного SNP-дослідження були взяті два набори 612 ліній кукурудзи, один з яких включав 270 ліній створених в Інституті сільського господарства степової зони НААН та НВФГ «Компанії «Maic» (Дніпропетровська область), а другий – 342 лінії кукурудзи світової селекції, переважно США та європейські, загальнодоступні для SNP-аналізу.

SNP-аналіз проводився за методикою [2, 8] для 39 SNP-маркерів панелі BDI-III, створеної фірмою BioDiagnostics Inc. (США). SNP-маркери були розташовані на хромосомі 3. Статистичну обробку результатів проведено за [9], прийнятий рівень значущості – 0,05. Перевірку гіпотези про характер співвідношення алелів у двох наборах ліній проводили за методом χ^2 .

Результати дослідження. Згідно з комп'ютерною базою даних «MaizeGDB» хромосома 3 кукурудзи має довжину 232,1 Мбр і поділяється на 11 бінів (бін – це сектор хромосоми, який має чітку локалізацію за розташуванням корових маркерів [10]). Центромера розташована в четвертому біні. Загалом на хромосомі 3 виявлено близько 600 генів та 8224 додаткові локуси, а для 376 генів та 1841 додаткового локусу визначена бін-локалізація. 39 використаних SNP-маркерів розташовуються в кожному біні цієї хромосоми, за виключенням біну 3.00. Середня щільність покриття маркерами хромосоми 3 складає 1 на 5,95 Мбр. Щільність розташування використаних SNP-маркерів коливається від 1 на 11,31 Мбр в найдовшому біні 3.04 до 1 на 0,02 Мбр у найкоротшому біні 3.10 [11].

При SNP-аналізі ми досліджували всі 612 ліній, але відносно наявності майже кожного маркера у декількох ліній отримані нульові результати, через що не можна було визначити нуклеотидний стан у маркерних точках. Такі лінії виключали з добірки, а розрахунки для кожного маркера вели лише для ліній, які давали чіткі результати. Окрім того, майже за кожним маркером виявлено 1-4 лінії, які містили гетерозиготні локуси. Такі лінії теж виключені з аналізу.

Частоти алелів, які зустрічаються в проаналізованих SNP-маркерних точках, для двох наборів ліній представлені в таблиці 1.

Для всіх проаналізованих SNP-маркерів були виявлені по два варіанти алельного стану. Лише маркер 5/118 в усіх досліджених лініях містив тільки один нуклеотид – дезоксицитидинмонофосфат, при цьому в наборі ліній української селекції за цим маркером лишилися не визначеними 103 лінії, а в наборі ліній світової селекції – 183 лінії. Серед останніх також було виявлено одну лінію з гетерозиготним локусом Ц/А. Можна припустити, що в маркерному SNP-сайті 5/118, у обох наборах ліній, у яких реакція не відбулася, може міститися дезоксиаденозинмонофосфат. Загалом, те, що в деяких лініях за окремими маркерами не вдалося визначити, який з нуклеотидів присутній, можна пояс-

нити двома причинами. По-перше, причинами методичного характеру, а, по-друге, через можливе випадіння нуклеотиду в певному сайті внаслідок делеції.

Найбільший діапазон частот алелів – 0,0451÷0,9849 для ліній першого набору і 0,1298÷0,8702 для ліній другого набору, виявлено для одного і того ж маркера – 1/98. Відсутність різниці в розподілі алелів в групі українських ліній, тобто 0,5÷0,5, відзначена для маркерів 4/113 і 4/114, а найменший діапазон, 0,4940÷0,5060, виявлено у маркера 7/125. Найменший діапазон для ліній світової селекції прийшовся на інший маркер – 9/128, і склав 0,4910÷0,5090.

Таблиця 1 - Частоти алелів для SNP-маркерів, розташованих на хромосомі 3, у ліній кукурудзи вітчизняної (I) та світової селекції (II)

Номер біна/маркера	I				II				$\chi^2_{\text{факт}}$
	А	Т	Г	Ц	А	Т	Г	Ц	
1/96	0,5932		0,4068		0,5221		0,4779		5,32
1/97	0,4642	0,5358			0,5935	0,4065			18,38
1/98	0,0451		0,9549		0,1298		0,8702		16,89
1/99	0,1358		0,8642		0,4041		0,5959		79,19
2/100	0,1321		0,8679		0,2560		0,7440		21,37
2/101	0,9434		0,0566		0,8546		0,1454		16,82
3/102	0,1023		0,8977		0,2312		0,7688		24,69
3/103	0,3931	0,6069			0,2972	0,7028			11,54
3/104			0,1461	0,8539			0,1469	0,8531	0,001
3/105	0,4798		0,5202		0,3841		0,6159		9,61
4/106	0,4331		0,5669		0,4661		0,5339		0,68
4/107	0,2038		0,7962		0,3452		0,6548		23,45
4/108			0,8462	0,1538			1	-	3,38
4/109	0,5294		0,4706		0,4688		0,5312		3,01
4/110	0,6820			0,3180	0,4759			0,5241	44,45
4/111	0,6820			0,3180	0,4683			0,5317	47,87
4/112	0,5837		0,4163		0,5816		0,4184		0,0042
4/113	0,5		0,5		0,6528		0,3472		26,78
4/114	0,5			0,5	0,6577			0,3423	28,72
4/373	0,6274		0,3726		0,5982		0,4018		0,93
5/115	0,6402		0,3598		0,5457		0,4543		9,50
5/116	0,6981		0,3019		0,5164		0,4826		34,88
5/117	0,6274		0,3726		0,6012		0,3988		0,75
5/118	-			1	-			1	0
6/119	0,2210		0,7790		0,2722		0,7278		3,54
6/120	0,4211		0,5789		0,3042		0,6958		17,16
6/121	0,1939			0,8061	0,4661			0,5339	78,30
7/122	0,3408		0,6592		0,4554		0,5446		14,13
7/123	0,1685		0,8315		0,2589		0,7411		11,36
7/124			0,1165	0,8835			0,1848	0,8152	8,23
7/125	0,4940		0,5060		0,5786		0,4214		7,36
8/126	0,4237		0,5763		0,3194		0,6806		35,29
8/127	0,4432		0,5568		0,4832		0,5168		1,69
9/128	0,3244		0,6756		0,5090		0,4910		35,71
9/129	0,3232		0,6768		0,5134		0,4866		38,09
9/130	0,5869		0,4131		0,4408		0,5593		22,43
10/131			0,2970	0,7030			0,4077	0,5923	13,50
10/132	0,8148			0,1852	0,8160			0,1840	0,003
10/133			0,2932	0,7068			0,4317	0,5683	20,79

$\chi^2_{\text{табл}}$ при $P=0,95$ ($\alpha=0,05$) = 0,004

Примітка. Частоти алелів наведені в частках одиниці, жирним шрифтом виділені вихідні алелі. Тут і далі нуклеотиди позначені за назвою азотистої основи: А – аденін, Т – тимін, Г – гуанін, Ц – цитозин.

Середня різниця між часткою ліній, які мають різний алельний стан становно 39 проаналізованих маркерів, у першому наборі ліній складає $0,3875 \pm 0,1560$, а у другому – $0,3048 \pm 0,1478$. Тобто, перший набір має тенденцію до більшої варіабельності за алельним станом.

Характер розщеплення в двох наборах ліній суттєво розрізняється за 36 з 39 маркерів, на що вказує перевищення фактичного χ^2 над табличним. Лише для маркерів 3/104, 5/118 та 10/132 суттєвої різниці в розподілі нуклеотидного стану між ними не виявлено, причому частоти алелів усередині обох наборів наближались до максимального діапазону. Такий характер розщеплення свідчить, що селекція в умовах степової зони України привела до формування специфічного генофонду кукурудзи, ступінь мутування в якому вищий, ніж у колекції американських та європейських ліній. Жорсткі умови степової зони характеризуються частими посухами під час росту та розвитку рослин, високими температурами в літній період, періодами похолодання навесні, обумовили добір генетичного матеріалу з більшою кількістю мутантних алелів, які забезпечують підвищену стійкість до стресових абіотичних та інших факторів середовища.

За Y. Lu et al. [4], маркери, які проявляють однакову тенденцію до зміни частоти алелів у порівнюваних групах, вважаються тісно зчепленими. Якщо припустити, що досліджені нами маркери розташовані всередині бінів у послідовності їх номерів, то тісно зчепленими є маркер 2/100 з маркером 2/101 та маркер 7/123 з маркером 7/124. Разом з тим, у наборі ліній української селекції є маркери, розташовані в однакових бінах, які мають схожу тенденцію до мутування або зміни за рахунок рекомбінації, але відносно яких подібна тенденція відсутня в наборі світових ліній. Це маркери 1/98 і 1/99, 4/107 і 4/108 та всі маркери біну 10 (10/131, 10/132 і 10/133), який є найкоротшим і має найщільнішу локалізацію маркерів (1 на $0,02 \cdot 10^6$ нуклеотидів). Така різниця в частотах однострункового поліморфізму в двох порівнюваних наборах ліній не дає однозначної відповіді про зчеплення зазначених маркерів.

Порівнюючи біни 10 та 4, можна висловити припущення, що в бінах, найкоротших за довжиною нуклеотидної послідовності, де маркери більш тісно розташовані, однострункові заміни повинні відбуватися рідше, ніж у довгих бінах, а діапазон частот алелів бути найбільшим. Це припущення базується на відомому правилі, що між близько розташованими ділянками хромосоми частота рекомбінації знижується [12]. Але визначення коефіцієнта кореляції між середньою величиною діапазону частот алелів для кожного біна та довжиною нуклеотидної послідовності показало відсутність суттєвого зв'язку, хоча і окреслило тенденцію до від'ємності між цими показниками (табл. 2).

Визначення SNP-алелів у маркерних точках у двох наборах ліній дозволяє позначити для кожного маркера вихідний алель (алель дикого типу) за таким припущенням: вихідний алель – це той, який зустрічається з частотою більше 50%, а мутантний алель – той, що має частоту, меншу за 50%. Таке визначення ґрунтується на встановлених генетичних закономірностях, які стверджують, що мутації є рідкісним явищем, а рекомбінація відбувається з частотою, меншою за 50% [12].

**Таблиця 2- Середній діапазон частот алелів
для бнів хромосоми 3 кукурудзи**

Номер біна	Середній діапазон частот алелів		Довжина біна, Mbp
	лінії української селекції	лінії світової селекції	
1	0,4741	0,2909	2,16
2	0,8113	0,5987	4,71
3	0,4394	0,4703	4,5
4	0,2628	0,2532	113,13
5	0,4829	0,3319	42,13
6	0,4427	0,3050	22,69
7	0,4401	0,3398	14,24
8	0,1331	0,1974	10,49
9	0,2929	0,0544	16,29
10	0,3477	0,3177	0,07
Середнє	0,3875	0,3048	
Коефіцієнт кореляції з довжиною біна	- 0,29	- 0,22	

Значення частот вихідних алелів у табл. 1 позначені жирним шрифтом. По деяких маркерах визначення, котрий з алелів є вихідним, стикалося з труднощами через різницю в розподілі алелів для двох наборів ліній. У такому випадку за домінантний у цілому для маркера визначали алель, який з більшою частотою зустрічався в наборі ліній світової селекції. У табл. 3 представлена кількість нуклеотидів різних типів у маркерних SNP-точках серед 612 проаналізованих ліній і показано частоти, з якими певний вихідний нуклеотид замінюється на той чи інший мутантний.

Як видно з табл. 3, найчастіше SNP-маркери на хромосомі 3 за вихідний нуклеотид містять дезоксигуанозинмонофосфат, який здебільшого змінюється на дезоксиаденозинмонофосфат та, зрідка, на дезоксицитидинмонофосфат. На другому місці серед вихідних нуклеотидів для SNP-маркерів за проявом знаходиться дезоксиаденозинмонофосфат, який частіше за все замінюється дезоксигуанозинмонофосфатом, значно рідше – дезоксицитидин-монофосфатом та зовсім рідко – тимідинмонофосфатом. Дезоксицитидинмонофосфат, як вихідний алельний SNP-маркер на хромосомі 3, був представлений у 6 з 39 випадків. Він найчастіше замінювався дезоксигуанозинмонофосфатом, зрідка дезоксиаденозин-монофосфатом і ніколи – тимідинмонофосфатом. Тимідинмонофосфат, як вихідний алель SNP-маркера, зустрічався лише в 1 випадку з 39 маркерів. У досліджених ліній тимідинмонофосфат замінювався лише дезоксиаденозинмонофосфатом. Проведений аналіз показує, що у 612 проаналізованих ліній найчастіше заміни нуклеотидів відбуваються шляхом транзиції, тобто без зміни орієнтації «пурин – піримідин» в межах комплементарної пари нуклеотидів. Саме такими є заміни Г→А і А→Г. Другий можливий тип транзицій, Т→Ц та Ц→Т, серед досліджених ліній не зустрічався. Заміни А→Т, А→Ц, Г→Т, Г→Ц, Т→А, Ц→А, Т→Г, Ц→Г є трансверсіями, які змінюють орієнтацію «пурин – піримідин» у межах пари. Трансверсії у проаналізованих ліній зустрічаються значно рідше, ніж транзиції, для вихідних нуклеотидів А і Г, та є виключним типом замін для вихідних нуклеотидів Т і Ц.

Таблиця 3 - Розподіл вихідних та мутантних нуклеотидів для досліджених SNP-маркерів

Вихідні нуклеотиди в маркерних точках		Частка заміни на мутантні нуклеотиди в маркерних точках, %				
нуклеотид	кількість, шт.	А	Т	Г	Ц	всього
А	14	-	7,14	64,29	28,57	100
Т	1	100	-	0	0	100
Г	18	94,44	0	-	5,56	100
Ц	6	20,00	0	80,00	-	100
Усього	39					

Висновки. Таким чином, проведений порівняльний аналіз однонуклеотидного поліморфізму ліній кукурудзи вітчизняної та світової селекції показав розходження в частотах алелів у 36 з 39 SNP-маркерів, розташованих на хромосомі 3. Лінії української селекції мають більшу варіабельність за алельним станом. Визначено маркери, які мають однакову спрямованість та наближені частоти однонуклеотидних заміни, що може свідчити про їх зчеплення. Для кожного з досліджених SNP-маркерів визначено нуклеотид, який є вихідним, і нуклеотид, який є мутантним алелем. Показано, що в досліджених SNP-маркерних сайтах хромосоми 3 кукурудзи найчастіше зустрічаються пуринові нуклеотиди дезоксигуанозинмонофосфат та дезоксиаденозинмонофосфат, однонуклеотидні заміни яких переважно відбуваються шляхом транзицій. Піримідинові нуклеотиди, тимідинмонофосфат та дезоксицитидин-монофосфат, значно рідше зустрічаються серед досліджених сайтів і змінюються шляхом трансверсій.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Сиволап Ю. М. Вариабильность и специфичность геномов сельскохозяйственных растений / Ю. М. Сиволап, Н. Э. Кожухова, Р. Н. Календарь. – О.: Астропринт, 2011. – 336 с.
2. Syvänen A.-Ch. Accessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms / A.-Ch. Syvänen // Nature reviews/Genetics. – 2001. – Vol. 2. – P. 930-942.
3. Vignal A. A review SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics / A. Vignal et al. // Genetics, selection, evolution. – 2002. – Vol. 34, N 3. – P275-305.
4. Lu Y. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms / Y. Lu et al. // Theor. Appl. Genet. – 2009. – Vol.120. – P.93-115.
5. Buckler E. S. The genetic architecture of maize flowering time / E. S. Buckler et al. // Science. – 2009. – Vol. 325, N 5941. – P. 714-718.
6. Poland J. A. Genome-wide nested association mapping of quantitative resistance to northern leaf blight in maize / J. A. Poland et al. // Proc. Nat. Acad. Sci. (USA). – 2011. – Vol. 108, N 17. – P. 6893-6898.
7. Zheng P. A phenylalanine in DGAT is a key determinant of oil content and composition in maize / P. Zheng et al. // Nature Genetics. – 2008. – Vol. 40, N 3. – P. 367-372.

8. www.biodiagnostics.net
9. Лакин Г. Ф. Биометрия / Г. Ф. Лакин. – М.: Высш. шк., 1990. – 352 с.
10. Gardiner J. M. Development of a core RFLP map in maize using an immortalized F₂ population / J. M. Gardiner et al. // Genetics. – 1993. – Vol.134. – P. 917-930.
11. www.maizegdb.org
12. Тоцький В. М. Генетика / В. М. Тоцький. – Одеса: Астропринт, 2008. – 710 с.

УДК 633.853.55.630.5

ФОТОСИНТЕТИЧНИЙ ПОТЕНЦІАЛ СОРТІВ РИЦИНИ

Василенко Н.Є. - с.н.с., Носівська СДС

Постановка проблеми. Серед олійних культур велике значення має рицина, яка протягом багатьох років вирощувалась на території України. Рицина є одна із важливих технічних культур. Технологія вирощування рицини, яка розроблена на даний час, ще потребує максимальних витрат [4-6]. Агротехнічні прийоми, що рекомендуються для рицини, не в повному обсязі відповідають біологічним особливостям сортів.

При достатній площі живлення й за наявності тепла і вологи у рицини, як у ремонтантної рослини, процес листкоутворення продовжується до кінця вегетації. У посівах з великою густотою стояння такого явища не спостерігали.

Матеріали та методика досліджень. Польові дослідження проводили на полях Інституту олійних культур НААНУ, який знаходиться на території Запорізького району Запорізької області і відноситься до Південного Степу України.

Кількість гумусу в шарі ґрунту 0–20 см коливається у межах 4,9%, на глибині 30–40 см – складає 3,5%, а на глибині 50 см – 2,2%. Розподіл атмосферних опадів у цій зоні як за кількістю, так і за періодами вегетації нерівномірний, у зв'язку з чим продуктивність рослин рицини найбільшою мірою залежить від накопичення та правильного використання ґрунтової вологи осінньо-зимово-ранньовесняних опадів.

Метеорологічні умови за 2000-2002 рр. були типовими для південного регіону України, з незначними коливаннями за роками досліджень.

Було проведено два польові досліді, в яких вивчали такі фактори та їх варіанти:

Дослід 1. Вплив строків сівби на продуктивність рицини сортів Громада, Хортицька 1, Хортицька 3: Фактор А – строк сівби: ранній строк (за температури ґрунту 8-10°C); середній строк (за температури ґрунту – 10-12°C); пізній строк (за температури ґрунту – 12-14°C). Фактор В – сорт рицини: Громада, Хортицька 1; Хортицька 3.