

Еуразиялық агротехникалық журнал = Евразийский агротехнический журнал. – Астана: С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, 2026. - № 1 (129). - Р.-77-89. - ISSN 3135-243X, 3135-2448

doi.org/10.51452/eaj.2026.1(129).2112

УДК 635.64

Исследовательская статья

### Создание и характеристика гибридных популяций томата как исходного материала для геномного картирования устойчивости к альтернариозу

Есимсеитова А.К.<sup>1,2</sup> , Какимжанова А.А.<sup>2</sup> , Абдрахманова А.Б.<sup>2</sup>   
Токбергенова Ж.А.<sup>3</sup> , Абдуллаева Б.М.<sup>3</sup> 

<sup>1</sup>Казахский агротехнический исследовательский университет имени С. Сейфуллина  
Астана, Казахстан

<sup>2</sup>Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан

<sup>3</sup>Региональный филиал «Кайнар» Казахского научно-исследовательского института  
картофелеводства и овощеводства, Кайнар, Казахстан

**Автор-корреспондент:** Есимсеитова А.К.: asel\_1388@bk.ru

**Соавторы:** (1: АК) kakimzhanova1968@mail.ru; (2: АА) aishabdrakhman@mail.ru

(3: ЖТ) zh.tokbergenova@mail.ru; (4: БА) barchinay.65@mail.ru

**Получено:** 09.01.2026. **Принято:** 06.03.2026 **Опубликовано:** 30.03.2026

#### Аннотация

Предпосылки и цель. Альтернариоз, вызываемый грибами рода *Alternaria*, является одной из наиболее экономически значимых болезней томата и приводит к существенным потерям урожая. Повышение эффективности селекции на устойчивость требует создания гибридного материала и формирования экспериментальных популяций, пригодных для последующего геномного анализа. Целью настоящего исследования – получить гибридные комбинации томата, оценить их фенотипические характеристики и отобрать контрастные по устойчивости растения для дальнейшего полногеномного анализа методом BSA-seq.

Материалы и методы. Исследования проводили в 2023-2025 гг. в лаборатории биотехнологии и селекции растений Национального центра биотехнологии, а также на полевом стационаре Регионального филиала «Кайнар» Казахского научно-исследовательского института плодовоовощеводства. Объектами исследования являлись четыре сортообразца томата, характеризующиеся контрастным проявлением устойчивости: умеренно восприимчивые – Самаладай и Китай-12×Моя радость; высокорезистентные – Венера×Мечта и Глория×BSS-335. Гибридизацию проводили с использованием родительских форм, различающихся по степени устойчивости.

Результаты. Эффективность скрещивания варьировала в зависимости от комбинации: наиболее результативной оказалась Венера×Мечта ×Самаладай – 60%, тогда как у комбинаций Глория×BSS-335 ×Самаладай и Глория×BSS-335 ×Китай×Моя радость этот показатель составил 10 и 20% соответственно. Фенологические наблюдения показали, что гибриды F<sub>2</sub> характеризовались сокращёнными межфазными периодами «всходы-цветение» и «цветение-созревание» по сравнению с родительскими формами, а наиболее раннеспелой была комбинация Венера×Мечта×Самаладай (105 дней). Гибриды отличались вариабельностью морфологических признаков: высота растений составляла 48,6-55,7 см, что сопоставимо с показателями родительских форм, а диаметр куста у отдельных комбинаций достигал 53,8 см. Облиственность гибридов была ниже (13,8-14,7 листа) по сравнению с родительскими формами (20,3-25,0 листа). По продуктивности выделялась комбинация Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость, формировавшая 9,6 плода на растение, что превышало показатели родительских линий. Фенотипическая оценка устойчивости к альтернариозу выявила широкую вариабельность в поколении F<sub>2</sub> (0-5 баллов),

что подтверждает полигенный характер наследования признака. Для анализа методом BSA-seq были сформированы устойчивый и восприимчивый пулы для последующего полногеномного секвенирования.

**Заключение.** Полученные результаты позволили сформировать три гибридные популяции, предназначенные для дальнейшего полногеномного анализа методом BSA-seq. Проведённая работа создаёт основу для идентификации генетических локусов устойчивости к альтернариозу и их последующего использования в селекции томата.

**Ключевые слова:** *Alternaria*; *Solanum lycopersicum*; альтернариоз; гибридизация; инокуляция; томат; устойчивость.

## Введение

Томат (*Solanum lycopersicum* L.), происходящий из андского региона Южной Америки, является второй по масштабам возделываемой овощной культурой в мире [1]. По данным ФАО, мировое производство томатов в 2023 году превысило 190 млн тонн при площади посевов более 5 млн га [2]. Высокий спрос на культуру обусловлен её пищевой ценностью, широким спектром использования и экономической значимостью [3].

В то же время томат характеризуется высокой восприимчивостью к более чем 200 вредителям и патогенам, включая грибные, бактериальные и вирусные болезни [4, 5]. Среди них особую угрозу представляет альтернариоз, вызываемый фитопатогенными грибами рода *Alternaria* [6]. Заболевание относится к числу наиболее распространённых и экономически значимых грибных болезней томата, приводя к существенным потерям урожая как в открытом, так и в защищённом грунте. Поражение листьев, стеблей и плодов сопровождается развитием некрозов, снижением фотосинтетической активности и ухудшением товарных качеств продукции [7, 8].

Традиционные меры защиты, основанные на применении фунгицидов и агротехнических приемов, требуют значительных материальных затрат и не всегда обеспечивают достаточный уровень контроля заболевания [5, 8]. С учётом роста требований к экологичности и безопасности сельскохозяйственного производства создание сортов и гибридов томата с генетически обусловленной устойчивостью к альтернариозу приобретает особую актуальность. Создание такого селекционного материала возможно на основе целенаправленной гибридизации и последующей оценки гибридных потомств по комплексу хозяйственно-ценных признаков и устойчивости.

Исследования по созданию устойчивых к альтернариозу сортов томатов начались более полувека назад и продолжают по сей день. Несмотря на сложную природу заболевания и полигенный характер устойчивости, к настоящему времени создано несколько селекционных линий и сортов с измеримым уровнем резистентности [5].

Гибридизация остаётся одним из ключевых методов получения исходного материала, позволяющим объединять ценные признаки, использовать эффект гетерозиса и расширять генетическую базу культуры [9, 10]. Комбинирование устойчивости и высокой продуктивности требует тщательного подбора родительских форм и оптимизации методики искусственного опыления. Получение гибридов F<sub>1</sub> и формирование популяций последующих поколений обеспечивает возможность как их первичной оценки, так и проведения углублённых генетических исследований, направленных на идентификацию факторов устойчивости [11]. Ограниченный успех традиционной селекции объясняется комплексом факторов: полигенной природой устойчивости, взаимодействием признаков устойчивости с морфологическими и физиологическими характеристиками растений, трудностями поддержания устойчивости в поколениях возвратного скрещивания, а также влиянием других заболеваний, вызывающих дефолиацию во время проведения фенотипического скрининга [5].

В современных исследованиях подчёркивается, что межсортовая гибридизация и использование диких видов рода *Solanum* являются наиболее перспективными подходами для интрогрессии генов устойчивости. Гибридные популяции служат ценным материалом для последующего картирования QTL [12], разработки молекулярных маркеров и проведения геномных исследований, включая BSA-seq и другие методы высокопроизводительного секвенирования [13].

Одним из наиболее эффективных современных подходов к идентификации генетических факторов устойчивости является анализ сегрегирующих популяций методом BSA-Seq (Bulked Segregant Analysis) [14]. Данная технология объединяет классическую схему BSA с высокопроизводительным секвенированием, что позволяет быстро выявлять SNP- и InDel-ассоциации с признаком без необходимости генотипирования всей популяции. Метод включает скрещивание контрастных по фенотипу родительских форм, получение F2 популяции, фенотипирование растений и формирование двух ДНК-пулов из особей с экстремальными значениями признака [15, 16]. Сравнение частот аллелей при повторном секвенировании пулов позволяет выявить геномные регионы, связанные с целевым признаком. В отличие от традиционного QTL-картирования, BSA-Seq требует анализа только крайних фенотипов, что значительно сокращает трудозатраты и стоимость генетического исследования [17, 18].

Целью настоящего исследования являлось получение гибридных комбинаций томата и их фенотипирование на устойчивость к альтернариозу для последующего использования в полногеномном анализе методом BSA-seq.

### Материалы и методы

Исследования проводились в 2023-2025 гг. в лаборатории биотехнологии и селекции растений Национального центра биотехнологии (г. Астана) и на полевом стационаре Регионального филиала «Кайнар» Казахского научно-исследовательского института плодовоовощеводства (Алматинская область), расположенном на северном склоне Заилийского Алатау (1000-1050 м над уровнем моря).

Из 40 генотипов томата (*Solanum lycopersicum* L.), ранее оценённых на устойчивость к альтернариозу [19], для проведения гибридизации были отобраны четыре сортообразца, контрастные по уровню устойчивости и использованные в дальнейшем для формирования популяций и анализа методом BSA-seq (таблица 1). В качестве контрольного варианта использовали восприимчивый сорт Сюрприз.

Таблица 1 – Характеристика родительских сортообразцов томата по устойчивости к альтернариозу

№	Генотип	Устойчивость
1	Самаладай	Умеренно восприимчивый
2	Китай-12×Моя радость	Умеренно восприимчивый
3	Венера×Мечта	Высоко резистентный
4	Глория×BSS-335	Высоко резистентный

Климатические условия предгорной зоны характеризуется резкой континентальностью и неустойчивым увлажнением. Среднегодовое количество осадков за вегетационный период – 290,2 мм; среднегодовая сумма температур за вегетационный период – 102,5 °С. Почва опытного стационара темнокаштановая, по механическому составу среднесуглинистая, рыхлая (рН 7,3-7,4). Погодные условия вегетационного периода (апрель-сентябрь) за годы исследования существенно отличались от среднегодовых данных. Основной особенностью метеорологических условий являлось повышение температуры воздуха (на 3-6 °С) и неравномерное распределение атмосферных осадков по годам.

Выращивание растений проводили на опытных полях юго-востока Казахстана в условиях овощного севооборота; предшественником служили многолетние травы. Технология возделывания соответствовала зональным рекомендациям. Предпосевная подготовка включала сортировку, калибровку и протравливание семян. Рассадку выращивали в плёночных тоннельных укрытиях. Высадку в открытый грунт осуществляли в зависимости от погодных условий с 14 мая по 3 июня. Повторность опыта двух- трехкратная, учётная площадь делянки – 10 м<sup>2</sup>. Подкормку проводили аммиачной селитрой (200 кг/га). Для профилактики грибных болезней проводили обработку медьсодержащим препаратом «Гурзат» (250 г/га). Все агротехнические мероприятия осуществляли в соответствии с зональными технологиями выращивания томата.

В течение вегетационного периода проводили фенологические наблюдения по основным фазам роста и развития растений: всходы, цветение, плодоношение и созревание. Одновременно выполняли учет морфологических показателей, включая высоту растения, диаметр куста, количество листьев, число побегов и число плодоносящих побегов, а также общее количество сформировавшихся плодов. При изучении коллекционного и селекционного материала использовали методические указания ВИР по оценке коллекции паслёновых культур [20], методические указания по селекции овощных культур [21] и Методики государственного сортоиспытания [22].

Для проведения гибридизации использовали контрастные по устойчивости к альтернариозу сортообразцы томата. Гибридизацию выполняли вручную в фазе бутонизации. Питомник гибридизации включал материнские и отцовские компоненты. Цветки женской родительской формы кастрировали за 1-2 дня до раскрытия: аккуратно удаляли тычинки пинцетом, не повреждая рыльце пестика. После кастрации цветки изолировали бумажными колпачками. Скрещивания проводили ранним утром (4-5 часов утра) в полевых условиях. Всего для каждой гибридной комбинации проводили не менее 10 опылений. На каждом растении проводили маркировку скрещивания с указанием даты и комбинации родителей. Созревшие плоды F<sub>1</sub> вскрывали, извлечённые семена промывали, сушили и высевали для получения растений поколения F<sub>1</sub>. Дальнейшее самоопыление гибридов F<sub>1</sub> приводило к формированию популяций F<sub>2</sub>.

Гибридные растения поколений F<sub>2</sub> использовали для фенотипирования по признакам устойчивости к альтернариозу. Фенотипическая оценка степени поражения альтернариозом проводилась индивидуально для каждого растения в теплице. На 14-й и 21-й день после инокуляции проводили оценку по 5-балльной шкале, описанной в работе Pandey et al. (2003), где 0 соответствует отсутствию симптомов, а 5 полному отмиранию листьев [23]. Полученные фенотипические данные использовали для отбора растений и формирования пулов, предназначенных для последующего полногеномного анализа методом BSA-seq.

Статистическую обработку результатов проводили с использованием программы MS Excel и библиотеки SciPy (Python) для выполнения дисперсионного анализа (ANOVA). Фенотипическую оценку устойчивости и фенологические наблюдения анализировали с расчётом средних значений и стандартного отклонения, коэффициентов вариации, асимметрии и эксцесса. При анализе эффективности гибридизации рассчитывали 95% доверительные интервалы доли завязавшихся плодов по методу Уилсона (Wilson score interval). Достоверность различий между комбинациями скрещивания оценивали с использованием точного критерия Фишера (Fisher's exact test). Для оценки различий между родительскими формами и гибридами F<sub>1</sub> по морфологическим признакам применяли однофакторный дисперсионный анализ (ANOVA). Уровень статистической значимости принимали равным  $p < 0,05$ . Для характеристики проявления гетерозиса рассчитывали показатели по среднему родителю (МРН) и лучшему родителю (ВРН).

### Результаты и обсуждение

Для полногеномного секвенирования методом BSA-seq на устойчивость к альтернариозу в 2023 году провели скрещивания восприимчивых и устойчивых сортообразцов томатов (таблица 2).

Таблица 2 – Эффективность гибридизации по комбинациям скрещиваний томата

№	Комбинация скрещивания	Количество проведенных опылений, шт.	Завязавшиеся плоды, шт.	Эффективность завязывания, %	95% ДИ*	Количество полученных семян F <sub>1</sub> , шт.
1	♀ Венера×Мечта * ♂ Самаладай	10	6	60	(31,2-83,2) <sup>a</sup>	63
2	♀ Глория×BSS-335 * ♂ Самаладай	10	1	10	(1,8-40,4) <sup>b</sup>	12
3	♀ Глория×BSS-335 * ♂ Китай×Моя радость	10	2	20	(5,7-51,0) <sup>ab</sup>	14

Примечание\*- ДИ - доверительный интервал, рассчитанный по методу Уилсона (Wilson score interval). Строчными буквами (a, b) отмечены значения, различия между которыми статистически значимы при  $p < 0,05$  по точному критерию Фишера

Полученные гибридные комбинации показали различия в эффективности формирования гибридных завязей и семян в зависимости от комбинации родительских форм. Наиболее результативной оказалась комбинация Венера×Мечта\*Самаладай, эффективность завязывания в которой составила 60,0% (31,2-83,2%), для которой было получено 63 семян в поколении F<sub>1</sub>. Комбинации Глория×BSS-335\*Самаладай и Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость характеризовались более низкой продуктивностью: эффективность завязывания составила 10,0% (1,8-40,4%) и 20,0% (5,7-51,0%) соответственно. Количество полученных семян F<sub>1</sub> в данных комбинациях составило 12 и 14 шт. Проведенный статистический анализ с использованием точного критерия Фишера выявил наличие значимых различий между комбинациями №1 и №2. Между комбинациями №1 и №3, а также №2 и №3 статистически достоверных различий при данном объеме выборки не обнаружено. В 2024 году размножение гибридов F<sub>1</sub> проводили в полевых условиях для получения поколения F<sub>2</sub>.

Таким образом, полученные комбинации статистически различались по эффективности гибридизации, что подтверждается расчетом доверительных интервалов. Подобные вариации в завязываемости гибридных плодов и семенной продуктивности описаны в работах по межсортовой и межлинейной гибридизации томата, где подчёркивается влияние генетических и физиологических особенностей родительских форм на успешность опыления и развитие гибридных завязей [24].

Сравнение фенологических наблюдений родительских форм и гибридов в полевых условиях, показало, что гибридные комбинации в целом характеризовались более ранним развитием по сравнению с исходными линиями. Контрольный сорт Сюрприз имел наиболее продолжительный вегетационный период (63 дня до цветения и 123 дня до массового созревания), тогда как другие родительские формы отличались более короткими сроками – 58-62 дня до цветения и 106-112 дней до начала созревания (таблица 3).

Таблица 3 – Продолжительность вегетационного периода родительских образцов и гибридов томата в полевых условиях юго-востока Казахстана

№	Сортообразец	Число суток			
		всходы-цветение	цветение-созревание	всходы-начало созревания	всходы-массовое созревание
Родительские образцы					
1	Сюрприз (контроль)	63	50	113	123
2	Самаладай	58	48	106	113
3	Китай-12×Моя радость	61	49	112	119
4	Венера×Мечта	62	49	112	119
5	Глория×BSS-335	62	49	111	118
Гибриды F <sub>2</sub>					
1	Венера×Мечта*Самаладай	55	39	96	105
2	Глория×BSS335*Самаладай	56	40	98	112
3	Глория×BSS-335* Китай×Моя радость	57	39	98	112

Гибриды демонстрировали более ускоренное развитие. Период «всходы-цветение» у них составлял 55-57 суток, что на 1-3 дня раньше родителей и на 6-8 дней раньше контроля. Продолжительность периода «цветение-созревание» у гибридов была короче (39-40 дней), чем у родительских форм (48-50 дней). Начало созревания у гибридов наступало на 96-98-й день, что на 8-10 дней раньше родителей и на 15-17 дней раньше контроля. Самые короткие сроки фиксировались у комбинации Венера×Мечта\*Самаладай.

По данным Н.В. Атрашонок (1962), гетерозис у гибридов томата по скороспелости проявляется преимущественно за счёт сокращения периода от начала цветения до созревания плодов, тогда как сроки наступления цветения также смещаются в сторону более раннего родителя [25].

Таким образом, полученные гибриды отличались повышенной скороспелостью по сравнению с родительскими формами, а наиболее раннеспелой оказалась комбинация Венера×Мечта\*Самаладай.

Сравнение морфологических характеристик родительских форм и гибридных растений показало, что полученные гибриды в целом занимают промежуточное положение по ряду признаков (таблица 4). Сорт Сюрприз (контроль) отличался наибольшей высотой (63,5 см) и диаметром куста (59,6 см), тогда как остальные родительские формы были более компактными: их высота составляла 52,0-55,2 см, а диаметр 39,8-45,0 см. Облиственность родительских форм варьировала от 20,3 до 25,0 листьев, при этом контрольный сорт имел максимальные показатели – 32,0 шт. Число побегов и плодоносящих побегов у родителей находилось в диапазонах 2,7-3,7 и 1,7-2,0 шт. соответственно, а общее количество плодов - 4,0-9,7 шт. на растение.

Таблица 4 – Морфологические показатели родительских форм и гибридов томата в полевых условиях юго-востока Казахстана

Сортообразец	Высота растений, см	Диаметр, см	Количество листьев, шт.	Количество побегов, шт.	Количество плодоносящих побегов, шт.	Количество плодов всего, шт.
Родительские образцы и контроль						
Сюрприз (контроль)	63,5±3,3	59,6±2,7	32,0±1,0	5,3±0,6	4,0±0,0	5,0±1,0
Самаладай	54,2±0,8	45,0±4,2	20,7±0,6	3,7±1,2	1,7±1,2	9,7±0,6
Китай-12 ×Моя радость	52,0±2,6	42,0±1,4	20,3±0,6	2,7±0,6	2,0±0,0	4,0±1,0
Венера×Мечта	55,2±1,0	39,8±0,4	25,0±1,0	3,0±1,0	1,7±0,6	4,3±0,6
Глория×BSS-335	53,2±1,0	40,7±0,5	20,3±0,6	2,7±0,6	2,0±1,0	4,0±1,0
Гибриды F <sub>2</sub>						
Венера×Мечта *Самаладай	52,9±5,0	53,8±7,6*	13,8±3,2*	1,8±0,6	1,2±0,4	6,4±1,8*
Глория×BSS-335*Самаладай	55,7±7,1*	42,6±8,8	14,7±2,9*	2,3±0,8	1,0±0,0	5,3±3,0*
Глория×BSS-335* Китай×Моя радость	48,6±5,5	36,6±5,3	14,4±3,1*	1,8±0,8	1,0±0,0	9,6±3,9*

*Примечание: Данные представлены как среднее значение ± стандартное отклонение; \*- различия между гибридом и родительскими формами статистически значимы при p < 0,05*

Дисперсионный анализ показал, что характер различий между родительскими формами и гибридами зависел от комбинации скрещивания. У гибрида Венера×Мечта\*Самаладай статистически значимые различия выявлены по диаметру куста (53,8 см у гибрида против 39,8-45,0 см у родительских форм), количеству листьев (13,8 шт. против 20,3-25,0 шт.) и числу плодов, тогда как по высоте растений (48,6-55,7 см) достоверных различий не установлено (p>0,05). Для комбинации Глория×BSS-335\*Самаладай значимые различия отмечены по высоте растений (55,7 см у гибрида), количеству листьев (14,7 шт.) и числу плодов, при отсутствии достоверных различий по остальным признакам (p>0,05). В комбинации Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость статистически значимыми оказались различия по количеству листьев (14,4 шт.) и числу плодов (9,6 шт. на растение), тогда как по высоте и другим морфологическим показателям различия находились в пределах вариации родительских форм. В целом наиболее устойчивые и статистически подтвержденные различия между гибридами и родителями выявлены по количеству листьев и числу плодов.

Таблица 5 – Показатели гетерозиса у гибридов томата

Гибрид	Высота растений, (МРН/ВРН), %	Диаметр (МРН/ВРН), %	Количество листьев, (МРН/ВРН), %	Количество побегов, (МРН/ВРН), %	Количество плодоносящих побегов, (МРН/ВРН), %	Количество плодов всего, (МРН/ВРН), %
Венера×Мечта*	-3,29/	26,71/	-40,15/	-50,0/	-20,0/	-9,52/
Самаладай	-4,17	19,39	-45,33	-54,55	-20,0	-34,48
Глория×BSS-335*	3,73/	-0,51/	-28,46/	-26,32/	-45,45/	-21,95/
Самаладай	2,77	-5,26	-29,03	-36,36	-50,0	-44,83
Глория×BSS-335*	-7,48/	-11,36/	-29,51/	-37,5/	-50,0/	141,67/
Китай×Моя радость	-8,46	-12,7	-29,51	-37,5	-50,0	141,67

*Примечание: МРН - гетерозис по среднему родителю; ВРН - истинный гетерозис по лучшему родителю*

Анализ показателей гетерозиса в поколении  $F_2$  выявил его избирательное проявление в зависимости от гибридной комбинации и изучаемого признака (таблица 5). У гибрида Венера×Мечта\*Самаладай статистически значимый положительный гетерозис отмечен по диаметру куста (МРН=26,71%; ВРН=19,39%). В комбинации Глория×BSS-335\*Самаладай зафиксирован слабый положительный эффект по высоте растений (МРН=3,73%; ВРН=2,77%). Наиболее выраженный гетерозис по элементам продуктивности выявлен у гибрида Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость, где превышение по числу плодов составило 141,67% как по среднему, так и по лучшему родителю. По остальным изученным признакам у большинства комбинаций наблюдался отрицательный гетерозис (депрессия), что характерно для расщепляющегося поколения  $F_2$ .

Таким образом, по отдельным морфологическим признакам гибриды превосходили родительские формы и демонстрировали проявление гетерозиса, который принято рассматривать, как превышение гибридами среднего показателя между родительскими формами по тому или иному признаку [26]. Гетерозис, как правило, наиболее заметен по признакам, связанным с интенсивностью роста и развития, включая высоту растения, число плодов и величину урожая [26], тогда как по другим морфологическим характеристикам его выраженность может быть менее значительной [27].

Таким образом, после характеристики морфологических признаков гибридов в поколении  $F_2$  следующим шагом было фенотипирование на устойчивость к альтернариозу для полногеномного анализа BSA-seq.

При фенотипировании растений 3-х гибридов томата симптомы альтернариоза проявлялись в виде некротических пятен с характерными концентрическими кольцами на листьях, вплоть до полной дефолиации у наиболее чувствительных генотипов. Родительские линии демонстрировали резко различающуюся реакцию: устойчивые получили балл поражения 0, тогда как восприимчивые – 4. В популяции  $F_2$  степень поражения варьировала в пределах 0-5 баллов, при среднем уровне 2,65-2,79. Распределение признака отличалось слабой асимметрией (коэффициент асимметрии варьировал от -0,378 до 0,111) и умеренно повышенным эксцессом, что свидетельствует о близости распределения к нормальному при незначительном отклонении от симметрии. Значение коэффициента вариации (35,9-39,6%) отражало высокую фенотипическую изменчивость и подтверждало количественный, полигенный характер наследования устойчивости [1, 7]. На основании средних баллов для последующего анализа методом BSA-seq были отобраны по 30 растений с минимальной степенью поражения (устойчивый пул) и 30 растений с максимальной степенью поражения (восприимчивый пул) каждого гибрида (таблица 6). Данные выборки будут использованы для полногеномного анализа по технологии BSA-seq.

Таблица 6 – Фенотипическая изменчивость 3-х гибридов томата на устойчивость к альтернариозу

Гибрид	Популяция F <sub>2</sub>					
	Диапазон	Среднее значение	Стандартное отклонение	Ассиметрия	Экссесс	Коэффициент вариации, %
Венера×Мечта* Самаладай	0-5	2,65	0,96	-0,378	1,337	36,1
Глория×BSS* Китай×Моя радость		2,62	1,04	-0,049	0,633	39,6
Глория ×BSS335* Самаладай		2,79	1,00	0,111	0,750	35,9

Таким образом, результаты работы демонстрируют эффективность гибридизации как инструмента получения селекционно-ценных форм томата и подчёркивают необходимость дальнейшего исследования наследования устойчивости к альтернариозу на основе полученных гибридных популяций.

#### Заключение

Проведённые исследования позволили получить три гибридные комбинации томата и провести их морфологическую оценку. Гибриды отличались более ранним развитием и выраженной морфологической вариабельностью по сравнению с родительскими формами, что свидетельствует о проявлении гетерозиса по ряду признаков. Фенотипирование популяции F<sub>2</sub> по устойчивости к альтернариозу выявило широкий диапазон изменчивости и подтвердило полигенный характер наследования данного признака с коэффициентом вариации 35,9-39,6%. На основе растений с экстремальными значениями устойчивости сформированы контрастные пулы для последующего анализа методом BSA-seq. Перспективы дальнейших исследований связаны с идентификацией геномных регионов, определяющих устойчивость к альтернариозу, разработкой молекулярных маркеров и их внедрением в селекционные программы по созданию устойчивых сортов томата.

#### Вклад авторов

АЕ, АА и БА: введение, методология, исследование; АК: общая редакция статьи; ЖТ: аннотация, заключение.

#### Информация о финансировании

Работа выполнена в рамках проекта: AP19679502 «Поиск новых доноров и источников генов устойчивости к альтернариозу томата, и разработка SCAR-маркеров для создания устойчивых сортов» на 2023-2025 годы при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

#### Список литературы

- 1 Adhikari, P., Oh, Y., Panthee, D.R. (2017). Current status of early blight resistance in tomato: An update. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(10), 2019.
- 2 Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2025). *FAOSTAT statistical database*.
- 3 Singh, A.K., Singh, M., Rai, V.P., Sinha, B., Kumar, S. (2017). Genetics of resistance to early blight disease in crosses of wild derivatives of tomato. *Scientia Horticulturae*, 219, 70-78.

- 4 Lukyanenko, A.N. (1991). *Disease resistance in tomato. Genetic improvement of tomato.* Springer Berlin, Heidelberg: 99-119.
- 5 Foolad, M.R., Merk, H.L., Ashrafi, H. (2008). Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 27(2), 75-107.
- 6 Grigolli, JFJ., Fonseca, MEN., Boiteux, L.S., Mizubuti, ESG. (2011). Characterization of tomato accessions for resistance to early blight. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11, 174-180.
- 7 Foolad, M.R., Zhang, L.P., Khan, A.A., Nino-Liu, D., Lin, G. (2002). Identification of QTLs for early blight (*Alternaria solani*) resistance in tomato using backcross populations of a *Lycopersicon esculentum* × *L. hirsutum* cross. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(6), 945-958.
- 8 Çalış, O., Topkaya, S. (2011). Genetic analysis of resistance to early blight disease in tomato. *African Journal of Biotechnology*, 10(79), 18071-18077.
- 9 Derbyshire, M.C., et al. (2024). The complex relationship between disease resistance and yield in crops. *Plant Biotechnology Journal*, 22(9), 2612-2623.
- 10 Adygezalov, M.B. (2021). Study of tomato hybridization under the conditions of Absheron in the Republic of Azerbaijan. *Agrarnaya Nauka*, 3, 81-84.
- 11 Hussain, E., et al. (2025). Molecular screening of wild and cultivated tomato germplasm reveals potential materials for multi-locus disease resistance breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-14.
- 12 Panthee, D.R., Chen, F. (2010). Genomics of fungal disease resistance in tomato. *Current Genomics*, 11(1), 30-39.
- 13 Du, M., et al. (2025). Molecular breeding of tomato: Advances and challenges. *Journal of Integrative Plant Biology*, 67(3), 669-721.
- 14 Michelmore, R.W., Paran, I., Kesseli, R.V. (1991). Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 88(21), 9828-9832. DOI: 10.1073/pnas.88.21.9828.
- 15 Giovannoni, J.J., Wing, R.A., Ganal, M.W., Tanksley, S.D. (1991). Isolation of molecular markers from specific chromosome intervals using DNA pools from existing mapping populations. *Nucleic Acids Research*, 19(23), 6553-6558. DOI:10.1093/nar/19.23.6553.
- 16 Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Mitsuoka, C., Uemura, A., Utsushi, H., Tamiru, M., Takuno, S., Innan, H., Cano, L.M., Kamoun, S., Terauchi, R. (2013). QTL-seq: Rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. *The Plant Journal*, 74(1), 174-183. DOI:10.1111/tpj.12105.
- 17 Zhang, B., Qi, F., Hu, G., Yang, Y., Zhang, L., Meng, J., Li, X., Zhu, L. (2021). BSA-seq based identification of a major additive plant height QTL with an effect equivalent to that of Semi-dwarf 1 in a large rice F<sub>2</sub> population. *The Crop Journal*, 9(6), 1428-1437. DOI:10.1016/j.cj.2020.11.011.
- 18 Zhang, J., Panthee, D.R. (2020). PyBSASeq: A simple and effective algorithm for bulked segregant analysis with whole-genome sequencing data. *BMC Bioinformatics*, 21(1), 99. DOI:10.1186/s12859-020-3435-8.
- 19 Есимсейтова, А.К., Абдрахманова, А.Б., Абдуллаева, Б.М., Муранец, А.П., Токбергенова, Ж.А., Какимжанова, А.А. (2024). Оценка устойчивости сортов и гибридов томата (*Solanum lycopersicum* L.) казахстанской селекции к альтернариозу. *Вестник науки Казахского агротехнического исследовательского университета им. С.Сейфуллина. Сельскохозяйственные науки*, 2(121), 36-47.
- 20 Глущенко, Е.Я., Воронина, М.В., Стрекалова, А.И. (1987). *Методические указания по изучению коллекции пасленовых культур.* ВАСХНИЛ, Всесоюз. науч.-исслед. ин-т растениеводства им. Н.И. Вавилова. Ленинград: ВИР, 48.
- 21 *Методические указания по селекции сортов и гибридов томата для открытого и защищённого грунта.* (1986). М.: ВАСХНИЛ, 112.
- 22 *Методика Государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур.* (1982). М: Колос.

23 Pandey, K.K., Pandey, P.K., Kallou, G., Banerjee, M.K. (2003). Resistance to early blight of tomato with respect to various parameters of disease epidemics. *Journal of General Plant Pathology*, 69, 364-371.

24 Bebeli, P.J., Mazzucato, A. (2008). The Solanaceae: A review of recent research on genetic resources and advances in the breeding of tomato, pepper and eggplant. *The European Journal of Plant Science and Biotechnology*, 2, 3-30.

25 Атрашонок И.В., Козлова А.А. (1962). Изучение скороспелости томатов. В сб.: *Генетика и цитология растений*, Минск: 65-80.

26 Fu, D., Xiao, M., Hayward, A., Fu, Y., Liu, G., Jiang, G., Zhang, H. (2014). Utilization of crop heterosis: A review. *Euphytica*, 197(2), 161-173.

27 Скворцова, Р.В. (1997). Особенности проявления гетерозиса у гибридов томата первого поколения по раннеспелости и устойчивости к расам фитофторы. Международный симпозиум: Гетерозис сельскохозяйственных растений. М: 144-147.

## References

1 Adhikari, P., Oh, Y., Panthee, DR. (2017). Current status of early blight resistance in tomato: An update. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(10), 2019.

2 Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2025). *FAOSTAT statistical database*.

3 Singh, A.K., Singh, M., Rai, V.P., Sinha, B., Kumar, S. (2017). Genetics of resistance to early blight disease in crosses of wild derivatives of tomato. *Scientia Horticulturae*, 219, 70-78.

4 Lukyanenko, A.N. (1991). *Disease resistance in tomato. Genetic improvement of tomato*. Springer Berlin Heidelberg, 99-119.

5 Foolad, M.R., Merk, H.L., Ashrafi, H. (2008). Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 27(2), 75-107.

6 Grigolli, JFJ., Fonseca, MEN., Boiteux, L.S., Mizubuti, ESG. (2011). Characterization of tomato accessions for resistance to early blight. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11, 174-180.

7 Foolad, M.R., Zhang, L.P., Khan, A.A., Nino-Liu, D., Lin, G. (2002). Identification of QTLs for early blight (*Alternaria solani*) resistance in tomato using backcross populations of a *Lycopersicon esculentum* × *L. hirsutum* cross. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(6), 945-958.

8 Çalış, O., Topkaya, S. (2011). Genetic analysis of resistance to early blight disease in tomato. *African Journal of Biotechnology*, 10(79), 18071-18077.

9 Derbyshire, M.C., et al. (2024). The complex relationship between disease resistance and yield in crops. *Plant Biotechnology Journal*, 22(9), 2612-2623.

10 Adygezalov, M.B. (2021). Study of tomato hybridization under the conditions of Absheron in the Republic of Azerbaijan. *Agrarnaya Nauka*, 3, 81-84.

11 Hussain, E., et al. (2025). Molecular screening of wild and cultivated tomato germplasm reveals potential materials for multi-locus disease resistance breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-14.

12 Panthee, D.R., Chen, F. (2010). Genomics of fungal disease resistance in tomato. *Current Genomics*, 11(1), 30-39.

13 Du, M., et al. (2025). Molecular breeding of tomato: Advances and challenges. *Journal of Integrative Plant Biology*, 67(3), 669-721.

14 Michelmore, R.W., Paran, I., Kesseli, R.V. (1991). Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 88(21), 9828-9832. DOI:10.1073/pnas.88.21.9828.

15 Giovannoni, J.J., Wing, R.A., Ganai, M.W., Tanksley, S.D. (1991). Isolation of molecular markers from specific chromosome intervals using DNA pools from existing mapping populations. *Nucleic Acids Research*, 19(23), 6553-6558. DOI:10.1093/nar/19.23.6553.

16 Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Mitsuoka, C., Uemura, A., Utsushi, H., Tamiru, M., Takuno, S., Innan, H., Cano, L.M., Kamoun, S., Terauchi, R. (2013). QTL-seq: Rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. *The Plant Journal*, 74(1), 174-183. DOI:10.1111/tpj.12105.

17 Zhang, B., Qi, F., Hu, G., Yang, Y., Zhang, L., Meng, J., Li, X., Zhu, L. (2021). BSA-seq based identification of a major additive plant height QTL with an effect equivalent to that of Semi-dwarf 1 in a large rice F<sub>2</sub> population. *The Crop Journal*, 9(6), 1428-1437. DOI:10.1016/j.cj.2020.11.011.

18 Zhang, J., Panthee, D.R. (2020). PyBSASeq: A simple and effective algorithm for bulked segregant analysis with whole-genome sequencing data. *BMC Bioinformatics*, 21(1), 99. DOI:10.1186/s12859-020-3435-8.

19 Yessimseitova, A.K., Abdrahmanova, A.B., Abdullaeva, B.M., Muranets, A.P., Tokbergenova, Zh.A., Kakimzhanova, A.A. (2024). Ocenka ustoichivosti sortov i gibridov tomata (*Solanum lycopersicum* L.) kazhastanskoi selekcii k al'ternariozu. *Vestnik nauki Kazhastanskogo agrotekhnicheskogo issledovatel'skogo universiteta im. S. Seifullina. Sel'skohozyaystvennyye nauki*, 2(121), 36-47. [in Russ].

20 Glushchenko, E.Ya., Voronina, M.V., Strekalova, A.I. (1987). *Metodicheskie ukazaniya po izucheniyu kollekcii paslenovykh kul'tur*. VASHNIL, Vsesoyuz. nauch.-issled. in-t rasteniyevodstva im. N.I. Vavilova. Leningrad: VIR, 48. [in Russ].

21 *Metodicheskie ukazaniya po selekcii sortov i gibridov tomata dlya otkrytogo izashchishchyonnogo grunta*. (1986). M.: VASHNIL, 112. [in Russ].

22 *Metodika Gosudarstvennogo sortoispytaniya sel'skohozyaystvennykh kul'tur*. (1982). M: Kolos. [in Russ].

23 Pandey, K.K., Pandey, P.K., Kalloo, G., Banerjee, M.K. (2003). Resistance to early blight of tomato with respect to various parameters of disease epidemics. *Journal of General Plant Pathology*, 69, 364-371.

24 Bebeli, P.J., Mazzucato, A. (2008). The Solanaceae: A review of recent research on genetic resources and advances in the breeding of tomato, pepper and eggplant. *The European Journal of Plant Science and Biotechnology*, 2, 3-30.

25 Atrashonok, I.V., Kozlova, A.A. (1962). Izuchenie skorospelosti tomatov. *Genetika i tsitologiya rasteniy*, Minsk: 65-80.

26 Fu, D., Xiao, M., Hayward, A., Fu, Y., Liu, G., Jiang, G., Zhang, H. (2014). Utilization of crop heterosis: A review. *Euphytica*, 197(2), 161-173.

27 Skvortsova, R.V. (1997). *Osobennosti proyavleniya geterozisa u gibridov tomata pervogo pokoleniya po rannospelosti i ustoychivosti k rasam fitofory*. *Mezhdunarodnyy simpozium: Geterozis sel'skokhozyaystvennykh rasteniy*, Moscow: 144-147.

### **Альтернариозға төзімділікті геномдық карталау үшін бастапқы материал ретінде қызанақтың гибрид популяцияларын құру және сипаттау**

Есимсеитова А.К., Какимжанова А.А., Абдрахманова А.Б.  
Токбергенова Ж.А., Абдуллаева Б.М.

#### **Түйін**

Алғышарттар мен мақсат. *Alternaria* туысына жататын саңырауқұлақтар қоздыратын альтернариоз қызанақтың ең экономикалық маңызды ауруларының бірі болып табылады және өнімнің едәуір төмендеуіне әкеледі. Төзімділікке селекцияны тиімді жүргізу үшін гибридтік материал қалыптастыру және кейінгі геномдық талдауға жарамды эксперименттік популяциялар құру қажет. Зерттеудің мақсаты – қызанақтың гибридтік комбинацияларын алу, олардың фенотиптік көрсеткіштерін бағалау және BSA-seq әдісімен толық геномдық талдауға арналған төзімділігі бойынша контрастты өсімдіктерді іріктеу.

Материалдар мен әдістер. Зерттеулер 2023-2025 жылдары Ұлттық биотехнология орталығының өсімдіктер биотехнологиясы және селекциясы зертханасында және «Қайнар»

аймақтық филиалы (Қазақстан жеміс-жидек және көкөніс шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты) далалық стационарында жүргізілді. Зерттеу нысандары ретінде төзімділігі бойынша контрастты төрт қызанақ сортоүлгісі пайдаланылды: орташа сезімтал - Самаладай, Китай-12×Моя радость және жоғары төзімді - Венера×Мечта, Глория×BSS-335. Гибридтеу төзімділігі әртүрлі ата-аналық формаларды пайдалану арқылы жүргізілді.

Нәтижелер. Будандастыру тиімділігі комбинацияға байланысты өзгерді: ең нәтижелі комбинация Венера×Мечта\*Самаладай болды (60%), ал Глория×BSS-335\*Самаладай және Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость комбинацияларында көрсеткіш тиісінше 10% және 20% құрады. Фенологиялық бақылаулар  $F_2$  гибридтерінің «өніп шығу-гүлдеу» және «гүлдеу-пісу» кезеңдерінің ата-аналық линияларға қарағанда қысқарғанын көрсетті; ең ерте пісетін комбинация Венера×Мечта\*Самаладай болды (105 күн).

Гибридтер морфологиялық белгілерінің өзгергіштігімен ерекшеленді: өсімдіктердің биіктігі 48,6-55,7 см (ата-аналарға ұқсас), ал бұта диаметрі кейбір комбинацияларда 53,8 см жетті. Гибридтердің жапырақ саны аз болды (13,8-14,7), ал ата-аналық формаларда 20,3-25,0 болды. Өнімділік бойынша ең жоғары көрсеткіш Глория×BSS-335\*Китай×Моя радость комбинациясында байқалды – бір өсімдікке 9,6 жеміс, бұл ата-аналардан жоғары. Альтернариозға төзімділікті фенотиптік бағалау  $F_2$  популяциясында кең вариабелділікті (0-5 балл) анықтап, белгінің полигенді табиғатын растады. BSA-seq талдауына арналған төзімді және сезімтал пулдар жасалды.

Қорытынды. Алынған нәтижелер BSA-seq әдісімен толық геномдық талдауға арналған үш гибридтік популяцияны қалыптастыруға мүмкіндік берді. Бұл зерттеу альтернариозға төзімділікке жауап беретін генетикалық локустарды анықтаудың және оларды қызанақ селекциясына енгізудің негізін қалайды.

**Кілт сөздер:** *Alternaria*; *Solanum lycopersicum*; альтернариоз; гибридтеу; инокуляция; қызанақ; төзімділік.

## Creation and characterization of tomato hybrid populations as source material for genomic mapping of resistance to early blight

Assel K. Yessimseitova, Almagul A. Kakimzhanova, Aisha B. Abdrakhmanova  
Zhursinkul A. Tokbergenova, Barchinay M. Abdullaeva

### Abstract

**Background and Aim.** Early blight, caused by fungi of the genus *Alternaria*, is one of the most economically significant diseases of tomato and leads to substantial yield losses. Improving the efficiency of breeding for resistance requires the creation of hybrid material and the formation of experimental populations suitable for subsequent genomic analysis. The aim of this study was to obtain tomato hybrid combinations, evaluate their phenotypic traits, and select plants contrasting in resistance for further whole-genome analysis using the BSA-seq method.

**Materials and Methods.** The research was conducted in 2023-2025 at the Laboratory of Plant Biotechnology and Breeding of the National Center for Biotechnology and at the field station of the Regional Branch "Kainar" of the Kazakh Research Institute of Fruit and Vegetable Growing. The study involved four tomato genotypes characterized by contrasting levels of resistance: moderately susceptible - Samaladai, Kitai-12×Moya radost'; and highly resistant - Venera×Mechta, Gloriya×BSS-335. Hybridization was performed using parental forms differing in resistance.

**Results.** Cross efficiency varied among combinations: the most productive was Venera×Mechta\*Samaladai (60%), while Gloriya×BSS-335\*Samaladai and Gloriya×BSS-335\*Kitai-12×Moya radost' showed 10% and 20%, respectively. Phenological observations showed that  $F_2$  hybrids exhibited reduced "emergence-flowering" and "flowering-ripening" periods compared to parental forms, with Venera×Mechta\*Samaladai being the earliest maturing (105 days). The hybrids showed variability in morphological traits: plant height ranged from 48.6 to 55.7 cm (comparable to parents), and canopy diameter reached up to 53.8 cm in some combinations. Leaf number in hybrids was lower (13.8-14.7)

compared with parental forms (20.3-25.0). In terms of productivity, the combination Gloriya×BSS-335\*Kitai-12×Moya radost' was the most notable, forming 9.6 fruits per plant and exceeding the parental genotypes. Phenotypic assessment of early blight resistance revealed wide variability in F<sub>2</sub> (0-5 points), confirming the polygenic nature of inheritance. Resistant and susceptible F<sub>2</sub> bulks were formed for subsequent whole-genome sequencing using the BSA-seq approach.

Conclusion. The results obtained enabled the formation of three hybrid populations intended for further whole-genome analysis using BSA-seq. The study provides a foundation for identifying genetic loci associated with early blight resistance and for their future application in tomato breeding.

Keywords: *Alternaria*; *Solanum lycopersicum*; early blight; hybridization; inoculation; tomato; resistance.