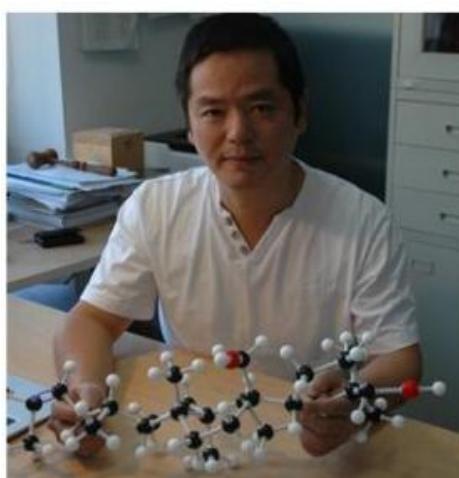


## Cell 发表华中农业大学代谢组学研究成果

Cell Has Published the Results of Metabolomics of Huazhong Agricultural University



罗杰教授



黄三文研究员

【Cell 系列】2018 年 1 月 11 日, Cell 在线发表了华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室罗杰教授课题组与中国农业科学院深圳农业基因组研究所黄三文研究员课题组关于番茄育种过程中代谢组变化及其遗传基础的研究论文。论文以 “Rewiring of the fruit metabolome in tomato breeding” 为题, 首次系统的报道了育种过程中, 人类的育种行为对番茄代谢组产生的影响。

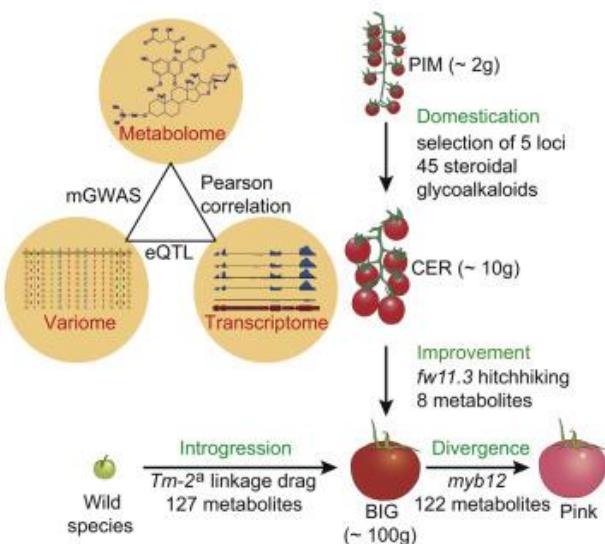
番茄是全世界广泛种植的蔬菜作物, 起源于南美洲的安第斯山地帶, 经过人类对野生番茄的驯化改良, 培育出了观赏番茄和现代栽培番茄。为了对番茄育种过程中的代谢变化进行全面解读, 科学家们对 600 余份材料进行代谢组分析, 结果表明, 从野生番茄到栽培番茄的育种过程中, 具有涩味的毒性抗营养因子茄碱的含量逐渐降低。

进一步的遗传分析发现, 茄碱的自然变异受到 5 个主要遗传位点控制, 且这些位点在驯化及

改良过程中受到强烈选择。对其中效应最大的位点、位于 10 号染色体上包含 P450 氧化还原酶、酰基转移酶和糖基转移酶的一个基因簇进行体外实验发现，糖基转移酶(*Solyc10g085230*)外显子上有一个点突变造成提前终止，显著降低了栽培番茄果实中茄碱物质的含量。通过两个主效的位点，能够将主要茄碱含量降低 80%。

栽培番茄在人类驯化选择过程中发生了各种各样的分化，红粉果实的分化是一种典型的代表。粉色果实因为质地松软、口感细腻而备受消费者所喜爱。研究表明，粉果育种是选择了在转录因子 *SIMYB12* 的启动子区域一个导致低水平转录的变异，从而造成粉果番茄中营养因子类黄酮含量大幅下降。另外，研究还发现了番茄育种过程中对果重基因的选择及野生渐渗片段对代谢组的影响，首次揭示了育种过程中代谢组变化的“搭车效应”。该研究通过多组学手段对育种过程进行全景式的分析，其大数据资源也将促进番茄营养、健康品质改良研究。

### A multi-omics view of tomato breeding



### Rewiring of the Fruit Metabolome in Tomato Breeding

番茄育种中代谢组的“重新布线”

华中农业大学 罗杰  
中国农业科学院 黄三文

1月 11 日

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.12.019>

Humans heavily rely on dozens of domesticated plant species that have been further improved through intensive breeding. To evaluate how breeding changed the tomato fruit metabolome, we have generated and analyzed a dataset encompassing genomes, transcriptomes, and metabolomes from hundreds of tomato genotypes. The combined results illustrate how breeding globally altered fruit metabolite content. Selection for alleles of genes associated with larger fruits altered metabolite profiles as a consequence of linkage with nearby genes. Selection of five major loci reduced the accumulation of anti-nutritional steroidal glycoalkaloids in ripened fruits,

rendering the fruit more edible. Breeding for pink tomatoes modified the content of over 100 metabolites. The introgression of resistance genes from wild relatives in cultivars also resulted in major and unexpected metabolic changes. The study reveals a multi-omics view of the metabolic breeding history of tomato, as well as provides insights into metabolome-assisted breeding and plant biology.