

· 热点评 ·

## 利用多组学手段解析番茄育种过程中代谢物变化的机制

马爱民<sup>1,2</sup>, 漆小泉<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>中国科学院植物研究所, 植物分子生理学重点实验室, 北京 100093; <sup>2</sup>中国科学院大学, 北京 100049

**摘要** 番茄(*Solanum lycopersicum*)在育种过程中经历了驯化、改良、分化和渐渗等不同阶段, 在这一选择过程中番茄的果重和风味等均发生了显著改变, 但是目前对于番茄育种过程中代谢物的变化及其遗传基础却不是十分清楚。近期, 中国农业科学院深圳农业基因组研究所黄三文研究组与华中农业大学罗杰研究组利用多组学(变异组、转录组及代谢组)手段系统解析了番茄育种过程中代谢物的变化。结果表明, 在番茄驯化过程中有46个甾醇糖基生物碱类物质(SGAs)含量逐渐降低, 并获得了7个与其中44个物质显著相关的遗传位点。因此, 在番茄育种过程中通过优异等位位点的组合可以显著降低SGAs的含量; 同时发现在番茄以果重为目标的选择过程中, 控制果重基因周围其它基因的“搭车效应”是引起许多代谢物变化的重要遗传因素, 及在育种过程中对某一性状的选择会对其它性状产生重要影响。该研究首次利用多组学手段系统解析了选择对作物代谢物的影响, 为番茄品质改良奠定了良好的理论基础。

**关键词** 代谢物, 多组学, 番茄

马爱民, 漆小泉 (2018). 利用多组学手段解析番茄育种过程中代谢物变化的机制. 植物学报 53, 578–580.

番茄(*Solanum lycopersicum*)是世界上广泛种植的蔬菜作物之一, 具有较高的营养价值和经济价值(Vincent et al., 2013)。在育种过程中, 番茄经历了从醋栗番茄(*S. pimpinellifolium*)到樱桃番茄(*S. lycopersicum* var. *cerasiforme*)再到栽培大果番茄的变化过程(Lin et al., 2014)。代谢物是基因调控最下游的产物, 其变化是生物系统对遗传或环境变异的最终反映(Fiehn, 2002)。那么在番茄育种过程中代谢物如何变化? 近期, 中国农业科学院深圳农业基因组研究所黄三文研究组与华中农业大学罗杰研究组合作, 揭示了番茄育种过程中代谢组的变化及其遗传基础。该研究首次利用多组学手段系统解析了人工选择对作物代谢物的影响, 为番茄品质改良奠定了良好的理论基础(Zhu et al., 2018)。

代谢组学是系统生物学的重要组成部分, 在揭示生命活动规律等方面发挥重要作用(漆小泉等, 2011)。代谢组学不仅在基础植物生物学研究中起重要作用(Fiehn et al., 2000; Fernie et al., 2004; Keurentjes et al., 2006), 而且在作物育种等领域也有广泛的应用前景(Tarpley et al., 2005; Schauer et al., 2008)。因此, 对代谢物遗传基础的研究将为解析作物育种及

代谢网络调控机理奠定基础。驯化、改良、分化和渐渗是番茄育种中的四个重要阶段(Lin et al., 2014), 但是目前对这一人类选择过程中代谢物的变化却不是很清楚。

为了解析番茄育种过程中代谢物的变化, 黄三文研究组与罗杰研究组合作对610份番茄材料进行了重测序分析; 同时对其中399份番茄材料的果肉进行了转录组测序分析及对其中442份材料的果肉进行了代谢组学分析, 共获得了980种代谢物, 其中有46种为抗营养因子甾醇糖基生物碱类(SGAs)物质。进一步分析发现, 从野生番茄到栽培番茄的驯化过程中, 番茄中这46种物质含量逐渐降低。通过mGWAS分析获得了7个与其中44种物质显著相关的位点, 且有5个位点落在驯化选择区域。对位于10号染色体上的遗传位点进行分析, 发现在该区域存在1个包含编码P450氧化还原酶、酰基转移酶和糖基转移酶等的基因簇。该基因簇中的基因表达时期主要为果实转色期, 这些基因的表达有利于SGAs的降解(Zhu et al., 2018)。因此在番茄育种过程中, 通过优异等位位点的组合可显著降低SGAs的含量。

从醋栗番茄(PIM)到樱桃番茄(CER)再到栽培大

收稿日期: 2018-03-02; 接受日期: 2018-05-01

\* 通讯作者。E-mail: xqi@ibcas.ac.cn

果番茄(BIG)的人工选择过程中, 番茄的果重性状发生了显著变化。为了探究以果重为目标的驯化过程中代谢物的变化, 研究人员构建了2个不同的F<sub>2</sub>群体(PIM×CER, CER×BIG)。通过对不同F<sub>2</sub>后代中极端果重个体混池后的群体进行代谢物分析及与野生材料进行比较, 共获得了116种在PIM和CER中具有显著差异的物质, 172种在CER和BIG中有差异的物质。为了进一步探究这些代谢物的变化是否由果重基因*fw11.3*引起, 研究人员创制了2个包含*fw11.3*片段的渐渗系材料。通过检测2个群体不同株系中的代谢物含量, 发现有8个代谢物在2个群体中均能检测到, 暗示这8个代谢物的变化可能由*fw11.3*引起。但是在*fw11.3*的转基因材料中, 这8种代谢物的含量并未发生显著变化, 意味着在番茄以果重为目标的选择过程中控制果重基因周围其它基因的“搭车效应”是引起这些代谢物变化的重要遗传因素(Zhu et al., 2018)。

随着番茄的驯化及改良, 栽培番茄也产生了不同的分化, 如红粉果实的分化。其中, 粉色果实由于具有较好的风味品质深受消费者喜爱。为了探究现代育种过程中红粉果分化的遗传基础, 研究者对不同红粉果品种的果皮进行了代谢组学分析, 获得了122种差异代谢物。结合前期重测序数据进行全基因组关联分析, 发现其中56种代谢物的遗传位点在*SIMYB12*附近。eQTL分析表明, *SIMYB12*与69个相关基因显著相关, 意味着这些基因可能直接或间接地受到*SIMYB12*调控。为了验证*SIMYB12*基因表达水平改变所引起的其它基因表达量变化及代谢水平的改变, 研究人员利用CRISPR-Cas9系统创制了*SIMYB12*基因敲除的突变体材料。与野生型相比, 突变体的果皮变为粉色, 同时其基因表达水平以及代谢物含量等均发生了显著改变(Zhu et al., 2018)。以上研究结果表明, 育种过程中*SIMYB12*除了在番茄果皮颜色的分化过程中起作用外, 还对番茄的风味品质有重要影响。

综上, 该研究首次利用多组学手段系统探究了番茄育种过程中物质组成变化的原因, 为番茄风味改良和番茄育种等奠定了良好的理论基础; 同时对其它作

物育种改良和品质研究等也具有较好的借鉴作用。

## 参考文献

- 漆小泉, 王玉兰, 陈晓亚 (2011). 植物代谢组学: 方法与应用. 北京: 化学工业出版社. pp. 13–18.
- Fernie AR, Trethewey RN, Krotzky AJ, Willmitzer L (2004). Metabolite profiling: from diagnostics to systems biology. *Nat Rev Mol Cell Biol* 5, 763–769.
- Fiehn O (2002). Metabolomics—the link between genotypes and phenotypes. *Plant Mol Biol* 48, 155–171.
- Fiehn O, Kopka J, Dörmann P, Altmann T, Trethewey RN, Willmitzer L (2000). Metabolite profiling for plant functional genomics. *Nat Biotechnol* 18, 1157–1161.
- Keurentjes JJB, Fu JY, De Vos CHR, Lommen A, Hall RD, Bino RJ, Van Der Plas LHW, Jansen RC, Vreugdenhil D, Koornneef M (2006). The genetics of plant metabolism. *Nat Genet* 38, 842–849.
- Lin T, Zhu GT, Zhang JH, Xu XY, Yu QH, Zheng Z, Zhang ZH, Lun YY, Li S, Wang XX, Huang ZJ, Li JM, Zhang CZ, Wang TT, Zhang YY, Wang AX, Zhang YC, Lin K, Li CY, Xiong GS, Xue YB, Mazzucato A, Causse M, Fei ZJ, Giovannoni JJ, Chetelat RT, Zamir D, Städler T, Li JF, Ye ZB, Du YC, Huang SW (2014). Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding. *Nat Genet* 46, 1220–1226.
- Schauer N, Semel Y, Balbo I, Steinfath M, Repsilber D, Selbig J, Pleban T, Zamir D, Fernie AR (2008). Mode of inheritance of primary metabolic traits in tomato. *Plant Cell* 20, 509–523.
- Tarpley L, Duran AL, Kebrom TH, Sumner LW (2005). Biomarker metabolites capturing the metabolite variance present in a rice plant developmental period. *BMC Plant Biol* 5, 8.
- Vincent H, Wiersema J, Kell S, Fielder H, Dobbie S, Castañeda-Álvarez NP, Guarino L, Eastwood R, León B, Maxted N (2013). A prioritized crop wild relative inventory to help underpin global food security. *Biol Conserv* 167, 265–275.
- Zhu GT, Wang SC, Huang ZJ, Zhang SB, Liao QG, Zhang CZ, Lin T, Qin M, Peng M, Yang CK, Cao X, Han X, Wang XX, van Der Knaap E, Zhang ZH, Cui X, Klee H, Fernie AR, Luo J, Huang SW (2018). Rewiring of the fruit metabolome in tomato breeding. *Cell* 172, 249–261.

## The Mechanism of Metabolite Changes in Tomato Breeding by a Multi-Omics Approach

Aimin Ma<sup>1,2</sup>, Xiaoquan Qi<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Key Laboratory of Plant Molecular Physiology, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China

<sup>2</sup>University of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

**Abstract** Domestication, improvement, divergence and introgression are the major stages in the history of tomato breeding. During this period, both fruit weight and quality of tomato were significantly changed; however, the variation in metabolites and the genetic basis remain unknown. Recently, researchers revealed the metabolome changes in tomato breeding by using a multi-omics dataset. The content of 46 steroidal glycoalkaloids (SGAs) declined during tomato domestication, and 7 major loci were identified for 44 of 46 compounds. Pyramiding of these high-value loci significantly reduced the SGAs content. The linkage drag of fruit weight genes and nearby genes might result from altered metabolite profiles during the selection for larger fruits, and the selection for one trait might affect other traits. This work systematically analyzed the effects of selection on crop metabolites by a multi-omics approach, which lays the foundation for tomato quality improvement.

**Key words** metabolites, multi-omics, tomato

**Ma AM, Qi XQ** (2018). The mechanism of metabolite changes in tomato breeding by a multi-omics approach. *Chin Bull Bot* **53**, 578–580.

---

\* Author for correspondence. E-mail: xqi@ibcas.ac.cn

(责任编辑: 孙冬花)