



新闻 频道

校园快讯  
华农人物

人才培养  
狮山时评

科学研究  
媒体华农

学术交流  
南湖视点

社会服务  
电子校报

青春

光影

网视

悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

# 我校揭示番茄产量性状遗传和驯化基础

2021-06-18 16:28

叶杰

我要评论 0

扫描到手持设备

字号: T T

核心提示: 近日, 我校园艺植物生物学教育部重点实验室叶志彪教授团队通过全基因组关联分析(GWAS)对27个株型相关产量性状进行了系统的高通量遗传解析, 揭示了番茄株型相关产量性状的遗传基础, 为番茄高产育种奠定了重要理论基础。

南湖新闻网讯 (通讯员 叶杰) 近日, 我校园艺植物生物学教育部重点实验室叶志彪教授团队通过全基因组关联分析(GWAS)对27个株型相关产量性状进行了系统的高通量遗传解析, 揭示了番茄株型相关产量性状的遗传基础, 为番茄高产育种奠定了重要理论基础。相关研究以“Genome-wide association study reveals the genetic architecture of 27 agronomic traits in tomato”为题, 在线发表于Plant Physiology。

番茄是世界第一大种植和消费蔬菜, 也是我国第一大设施蔬菜。近20年来, 我国番茄种植面积趋于稳定, 但是产量还是稳步提升, 这主要是得益于番茄高产新品种和栽培新技术的广泛推广和应用。目前, 与产量直接相关的性状 (如果实大小) 已经得到了很好的研究, 共有30多个果实大小QTL被鉴定。然而, 其他与产量相关的性状, 如花序位置、花序结构和叶片气孔密度等, 也对番茄的产量至关重要。因此, 了解这些产量相关性状的遗传结构可以为高产育种提供信息。

本研究首先收集了66份来自广西西南部山区的番茄地方品种, 并对其进行了重测序。这些地方品种果实小而红, 皮薄, 具有宝贵的品质和抗性遗传资源。群体遗传学分析显示广西番茄和樱桃番茄 (S. lycopersicum var. Cerasiforme, CER) 聚类到一起, 正好将南美樱桃番茄与非南美樱桃番茄隔开。这个结果说明我国广西番茄种质是番茄在野生番茄在南美经驯化后引入到我国, 再经过独立驯化而得到的新亚组, 在基因组水平上有其特异性。利用该重测序数据, 结合之前已报道的539份番茄种质的重测序数据, 构建了改良的番茄单倍型图谱, 为番茄研究和育种提供了有价值的资源。对605份 (66+539)番茄资源共27个产量相关性状进行表型分析发现, 这27个农艺性状之间具有较强的表型相关性。利用高分辨率单倍型图谱, 我们对这27个性状进行了GWAS, 共鉴定到了129个QTL位点。进一步对这129个关联显著位点与番茄驯化改良过程中的受选择位点进行比较发现, 在番茄育种过程中, 特别是改良过程中, 共有25个产量相关性状对应的51个信号位点受到人工选择。本研究为番茄驯化改良过程中产量相关性状的驯化提供了遗传基础,

对候选位点分析发现, 除了一些功能已知的调控基因之外, 我们还发现了很多可信度高的候选基因。例如, 叶片气孔密度的GWAS定位到一个编码铝活化苹果酸转运体的候选基因SIALMT15。利用CRISPR/cas9技术敲除SIALMT15不仅证实了其在气孔形成中的作用, 而且揭示了其在番茄干旱胁迫耐受中的重要作用。

## 今日推荐

- 狮山大爱伴君行: 2020年毕业典礼隆重举行
- 2020年毕业典礼暨学位授予仪式组图
- 【毕业季】毕业生返校日: 温暖涌动狮山
- 【毕业季】生命的绽放: 万千纸鹤在这里翱翔
- 风雨无阻! “异曲同工”工学院2020年现代农业
- 华中农业大学师生青春告白祖国 立志强农兴农



## 新闻排行

浏览 评论

- 1 我校获批20项国家重点研发计划项目
- 2 我校受邀参加“2022年中日大学科技创新论坛”
- 3 湖北省第一届微生物培养基艺术设计大赛举行
- 4 《自然—遗传》: 棉属泛基因组——架起棉花桥
- 5 我校在第八届中国国际“互联网+”大学生创新
- 6 我校获批41项省重点研发、种业“揭榜挂帅”项
- 7 校领导班子召开2022年第38次调度会
- 8 高翘勉励华农青年: 争做有理想、敢担当、能吃
- 9 舞动青春, 学校2022年校园舞蹈大赛举行
- 10 【学习二十大】张启发院士: 为人民生命健康开

## 推荐图片



直击: 2022年毕业典礼暨学位授予



定格青春 “我与校长拍张照”



纸鹤与梦想齐飞翔



“钢铁长龙”毕业巡游欢乐举行

## 推荐视频

本研究揭示了番茄重要产量相关性状的遗传和基因组基础，为番茄的分子标记辅助育种和改良提供了丰富的信息。我校园艺林学学院叶杰副教授，王文乾博士后及康奈尔大学博士后王昕为论文并列第一作者，华中农业大学叶志彪教授和康奈尔大学费章军教授为论文通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金及华中农业大学高层次人才启动费等项目资助。

审核人：叶志彪

#### 【英文摘要】

Tomato (*Solanum lycopersicum*) is a highly valuable fruit crop, and yield is one of the most important agronomic traits. However, the genetic architecture underlying tomato yield-related traits has not been fully addressed. Based on ~4.4 million single nucleotide polymorphisms obtained from 605 diverse accessions, we performed a comprehensive genome-wide association study for 27 agronomic traits in tomato. A total of 239 significant associations corresponding to 129 loci, harboring many previously reported and additional genes related to vegetative and reproductive development, were identified, and these loci explained an average of ~8.8% of the phenotypic variance. A total of 51 loci associated with 25 traits have been under selection during tomato domestication and improvement. Furthermore, a candidate gene, *Sl-ACTIVATED MALATE TRANSPORTER15*, that encodes an aluminum-activated malate transporter was functionally characterized and shown to act as a pivotal regulator of leaf stomata formation, thereby affecting photosynthesis and drought resistance. This study provides valuable information for tomato genetic research and breeding.

论文链接: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab230>

#### 相关阅读

关键词: 番茄 性状遗传 驯化基础

- [【中国科学报】番茄表皮毛调控机制研究取得新进展](#) 2020-09-23
- [我校在番茄果实颜色研究中取得新进展](#) 2020-05-30
- [我校在番茄茎秆发育调控机制研究中取得新进展](#) 2020-04-07
- [叶志彪教授再次当选中国园艺学会番茄分会理事长](#) 2018-08-11
- [番茄多细胞腺毛调控机制研究获得新进展](#) 2018-07-10
- [《Cell》在线发表我校代谢组学研究成果](#) 2018-01-12
- [【武汉晚报】华农学生嫁接出神奇植物 上面长番茄下面长土豆](#) 2014-08-29

责任编辑: 蒋朝常 袁阳宇

复制网址 打印 收藏



#### 网友评论

已有 0 人发表了评论

您需要登录后才可以评论, [登录](#) | [注册](#)

发表评论

