

番茄基因组研究取得重大突破

2012年5月31日，北京。由来自中国、美国、荷兰、以色列等14个国家的300多位科学家组成的“番茄基因组研究国际协作组”完成了对栽培番茄全基因组的精细序列分析。这项成果于2012年5月31日以封面文章发表在国际权威学术期刊《自然（Nature）》。

番茄是研究果实发育的经典模式植物，其基因组有12条染色体，约9亿个碱基对。协作组坚持采用“克隆连克隆”和“全基因组鸟枪法”相结合的测序策略，历经8年多的艰苦努力，终于获得了高质量的番茄基因组序列。在解码的番茄基因组中共鉴定出约34,727个基因，其中97.4% (33,840个)的基因已经精确定位到染色体上。进化分析表明番茄基因组经历的两次三倍化使基因家族产生了特异控制果实发育及营养品质的新成员。协作组同时绘制了栽培番茄祖先种野生醋栗番茄基因组的框架图，两个基因组仅有0.6%的区别。比较分析发现了番茄果实进化的基因组学基础：经过人工驯化和育种选择，栽培番茄比野生番茄果实更大，品质更好，番茄红素、 β -胡萝卜素和维生素C等生物活性物质含量明显提高。同时，基因组序列的获得为在育种中进一步利用野生资源的优异基因提供了有力的工具。

中国科学家在番茄基因组研究中做出了重要贡献。中国科学院遗传与发育生物学研究所李传友研究员作为中方协调人负责第3号染色体的测序工作。中国农业科学院蔬菜花卉研究所黄三文研究员和杜永臣研究员作为中方协调人负责第11号染色体的测序工作。中国科学家高质量地完成了番茄基因组测序总任务的1/6。番茄基因组研究取得的成功与多个部委和单位的支持是分不开的。科技部、农业部科教司和国家自然科学基金委等提供了经费支持。番茄基因组研究也是中国科学院遗传与发育生物学研究所和中国农业科学院蔬菜花卉研究所等国内15家单位通力协作完成的，是国内不同科研单位之间协同创新的典型案例之一。

番茄基因组的解读是科学家通过国际合作完成的又一个高质量的模式植物的基因组序列分析，对于不同物种之间的比较基因组学研究具有重要价值。这项工作将极大推动番茄乃至包括马铃薯、辣椒、茄子等在内的茄科植物的功能基因组研究，为培育具有高产、优质、抗病虫害、抗逆等优良性状的番茄新品

种打下了良好的基础，对推动全世界的番茄生产具有重要意义。我国是世界番茄生产和消费大国，但目前生产上应用的高端番茄品种80%依赖于进口。以番茄基因组序列解读为契机，加强分子设计育种体系建设，并与常规育种紧密配合，加速培育具有我国自主知识产权的优良品种，是尽快提高我国以番茄为代表的蔬菜和水果基础和应用研究的必由之路，亟待有关部门的大力支持。

学术联系人：

李传友研究员，中国科学院遗传与发育生物学研究所，北京市北辰西路1号院2号。电话：8610-64806612

黄三文研究员，中国农业科学院蔬菜花卉研究所，北京市海淀区中关村南大街12号。电话：8610-82109531

媒体联系人：

曹殿文，中国科学院遗传与发育生物学研究所科研计划处，北京市北辰西路1号院2号。电话：8610-64806511

Homepages of the participating institutions:

<http://www.genetics.ac.cn/> and <http://www.ivfcaas.ac.cn/Html/index.asp>