

“十三五”我国茄子遗传育种研究进展

刘富中¹ 舒金帅¹ 张 映¹ 陈钰辉¹ 连 勇¹ 田时炳²

(¹ 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; ² 重庆市农业科学院蔬菜花卉研究所, 重庆 400716)

摘 要: “十三五”期间, 我国茄子遗传育种研究取得了重要进展, 选育和创制出一批优异的新种质和育种材料, 培育出一批适应市场消费需求和不同生态类型的茄子新品种, 茄子全基因组测序研究处于国际先进水平。本文系统总结了“十三五”(2016—2020年)期间我国茄子在应用基础研究、育种技术研究、种质创新和新品种选育等方面取得的重要进展, 分析了存在的主要问题, 探讨了未来的发展方向。

关键词: 茄子; 遗传育种; 育种技术; 新品种; 综述

茄子 (*Solanum melongena* L.) 是一种重要的蔬菜作物, 在我国各地均有种植, 2019 年栽培面积为 78.30 万 hm^2 , 占世界总栽培面积的 42.37% (FAOSTAT, <http://faostat.fao.org>)。近年来, 随着我国设施种植面积的不断增长, 茄子已成为我国北方设施栽培的主要蔬菜种类之一。“十三五”期间, 在国家重点研发计划、国家自然科学基金、大宗蔬菜产业技术体系, 以及各省市创新团队和科技计划项目的支持下, 我国茄子在基因组结构解析、优异基因挖掘及利用、育种技术研究、种质资源创新和新品种选育等方面取得了重要研究进展。获得省部级科技奖 9 项, 授权国家发明专利 37 项, 培育出 88 个优质、适应性强的茄子新品种, 其中获植物新品种授权品种 8 个, 省(市)审定、认定或鉴定品种 18 个, 对茄子重要农艺性状基因进行了克隆或定位, 并开发了可用于辅助选择的分子标记, 显著提升了我国茄子遗传育种的水平。

1 茄子基因组学研究取得重要进展

“十三五”期间, 我国茄子全基因组测序研

刘富中, 男, 博士, 研究员, 专业方向: 蔬菜遗传育种, E-mail: lfzcaas@126.com

收稿日期: 2021-01-11; 接受日期: 2021-03-02

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0100204, 2017YF0101901), 中国农业科学院科技创新工程项目(CAAS-ASTIP-IVFCAAS), 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(Y2020GH01-2), 农业农村部园艺作物生物学与种质创制重点实验室项目

究处于国际先进水平。茄子全基因组序列图谱进一步完善, 为解析重要性状的驯化选择和调控的分子机制研究奠定了良好基础。Li 等(2019a)通过 PacBio 和 Hi-C 测序技术在染色体水平上组装了茄子栽培种桂茄 1 号 (*S. melongena*) 高质量参考基因组, 分析表明茄子基因组中 646 个特异性家族和 364 个正向选择基因赋予茄子独特性状; 茄子和辣椒基因组中存在细菌性斑点病抗性扩展基因家族, 而番茄和马铃薯基因组中没有; 茄子、番茄和马铃薯基因组中存在高度相似的多酚氧化酶基因的染色体分布模式。Song 等(2019)组装了野生茄 *S. aethiopicum* 基因组草图, 从 65 份 *S. aethiopicum* 和 *S. anguivi* 材料重测序数据中鉴定出 18 614 838 个 SNPs, 其中 34 171 个位于抗病基因内, 揭示了参与耐旱性主动选择基因; Wei 等(2020a)结合 Illumina、Nanopore、10× 基因组测序技术和 Hi-C 技术组装了茄子栽培种 HQ-1315 (*S. melongena*-HQ) 高质量参考基因组, 对部分基因家族进行了功能注释, 公布了茄子 HQ-1315 基因组访问网站 (<http://eggplant-hq.cn>)。不同茄子基因组间存在 SNP、InDel 和 SV 3 种类型变异, 且蛋白编码基因潜在调控区域存在不对称 SV 积累。以上研究结果丰富了茄子全基因组序列变异数据库, 为茄子规模化的基因挖掘和遗传改良工作及 SNP、InDel 分子标记开发奠定了基础, 为茄科植物的比较基因组学和进化研究提供了重要的数据资源。

2 克隆和定位了一批控制茄子重要性状相关的基因/QTL

2.1 品质性状

2.1.1 花色苷 我国消费者对茄子果实和果萼外观颜色的要求有极强的区域性。果皮颜色和果萼颜色是茄子品质育种的重要目标性状,茄子商品果果皮颜色有紫黑色、紫红色、紫色、绿色等多种类型,果萼颜色主要有紫色和绿色两类。果皮颜色是由多基因控制的数量性状。2对上位性效应基因(*D*和*P*基因)控制白果皮色的遗传(孙保娟等, 2019)。果皮颜色同时受光照、温度等环境条件的影响,定位控制茄子果皮颜色的基因,获得与茄子果皮颜色连锁的标记,解析茄子果皮的着色机理一直是茄子分子育种研究的重点和难点。

花青苷在茄子果皮和果萼颜色形成过程中起主要作用,而且具有很高的营养保健价值。研究者基于转录组测序分析和同源克隆鉴定出多个与花青苷合成相关的基因:*SmCHI*、*SmF3' H*、*SmANS*、*SmCOPI*、*SmCHS*、*SmDFR*、*F3' 5' H*、*SmMYBI*、*SmbHLH1*、*SmbHLH117*、*SmBIM1*、*SmAP2*、*SmHD*、*SmMYB94*、*SmMYB19*、*SmTT8*、*SmYABBY*、*SmTTG2*、*SmMYC2*、*SmUFGT*, 并对其调控网络的分子机理进行了初步研究(刘卫等, 2017; Tian et al., 2019; Xiao et al., 2019; Wu et al., 2020; Zhou et al., 2020)。

分析茄子花色苷生物合成途径中的部分基因在高温下的表达模式和组织表达特性表明,高温下调茄子花色苷生物合成途径中的大多数基因,如*BHLH62*、*MYB380*、*CHI3*、*CHI*、*CCOAMT*、*AN3*、*ACT-2*、*HST*、*5MA-T1*、*CYP75A2*、*ANT17*、*RT*、*PAL2*、*CHS5*、*CHS6*、*CHS7*和花色苷5-芳香族酰基转移酶基因,而*CHSB*、*PHL11*和*bHLH35*、*CHS4*则呈上调趋势(Zhang et al., 2019; Wu et al., 2020)。花色苷合成相关基因*SmPAL*、*Sm4CL*、*SmAN11*、*SmCHS*、*SmCHI*、*SmF3H*和*SmDFR*以及结构基因*SmF3050H*和*SmANS*在不同组织中表达,*CHI*、*F3H*、*F3' 5' H*、*DFR*、*3GT*和*bHLH1*在花和果皮中表达(Li et al., 2018; Wu et al., 2020);*bHLH*在不同组织及各种光照和温度条件下的表达具有组织特异性,

受组织发育和差异代谢调控(刘卫等, 2017; Tian et al., 2019)。

茄子中的花青苷分为光敏型和非光敏型,其合成的信号通路均不明确。基于转录组数据研究光调控茄子花色苷生物合成的分子机制,结果显示869个基因参与了光诱导的花色苷生物合成,包括*SmMYB35*、*SmMYB44*、*SmMYB86*、*MYB113*和*TT8*等转录因子及感光细胞;花色苷生物合成的结构基因、转录因子、感光体和光信号转导元件可能是花色苷生物合成途径中的关键调控因子,*SmCHI*、*SmF3050H*、*SmDFR*和*SmANS*的表达完全依赖于光,*SmCRY1*、*SmCRY2*和*SmHY5*在光照下上调表达,而*SmCOPI*下调表达;22个转录因子和4个光信号转导元件可能是非光敏茄子中暗调节花色苷合成的关键因素(Jiang et al., 2016a, 2016b; Li et al., 2018; 张君豪等, 2019; He et al., 2019)。

2.1.2 VP和抗坏血酸 茄子是一种富含VP的蔬菜,具有较好的保健医疗功效。茄子中VP含量为数量性状,高VP含量受具有加性效应的1个或2个显性主基因调控,但主基因遗传力较低,而控制低VP含量的主基因遗传力较高(Dong et al., 2020)。同源克隆2个茄子VP合成途径中的相关酶基因(*SmFLS*、*Sm4CL*),qRT-PCR分析结果表明,*SmFLS*在茄子果肉和果皮中的表达量显著高于在根、茎、叶中的表达量,*Sm4CL*在根、茎、叶、果皮、果肉中的表达量无显著差异(Dong et al., 2020)。

抗坏血酸(AsA)是高效抗氧化剂,有益于人体健康,研究表明光照能促进茄子果皮中AsA积累。Jiang等(2018)同源克隆了L-半乳糖途径7个相关基因*SmGMP*、*SmGME1*、*SmGME2*、*SmGGP*、*SmGPP*、*SmGalDH*和*SmGLDH*,其中*SmGME2*、*SmGGP*、*SmGPP*、*SmGalDH*和*SmGLDH*的表达水平与AsA含量呈显著正相关。

2.2 果实性状

果实是茄子的产品器官,果实形状、大小、果皮颜色、单性结实及果实发育等是茄子遗传育种研究的重点。选育低温下单性结实的无籽茄子品种是茄子耐低温和品质育种的重要目标性状。单性结实种质资源评价、基因挖掘克隆和形成分子机理研究一直是茄子育种研究的热点。

试验证明 *SmARF8* 基因表达的沉默可以产生单性结实 (Du et al., 2016), *SmARF7* 和 *SmLAA9* 基因在茄子单性结实和非单性结实体系中的表达存在差异 (张立慧, 2016); 郭亚鹤等 (2018) 获得低温条件下茄子单性结实和非单性结实自交系间表达量具有显著差异的 109 条 EST 序列, 明确了其参与的代谢途径; Chen 等 (2017) 在天然单性结实和两个非单性结实茄子品系中鉴定出 506 个差异表达基因; 刘富中等 (2019) 利用 VIGS 技术证明 *SmAGPP* 基因正调控茄子坐果和果实发育, 其蛋白定位在细胞质中。

Liu 等 (2019) 基于 219 个 SNP 通过全基因组关联分析确定了 *SUN* 和 *OVATE* 同源物附近 5 个 SNP 在控制果实形状方面具有保守功能。Wei 等 (2020b) 在 E03 染色体 71.29~78.26 Mb 检测到 1 个控制果实长度的 QTL 区域, *SUN* 基因家族 *Smechr0301963* 为调节茄子果实长度的关键候选基因。耿树文等 (2018) 研究表明, 茄子果顶形状为数量性状, 受 2 对加性-显性-上位性主基因和环境共同调控, F_2 群体中主基因遗传率为 72%。潜宗伟等 (2019) 获得 3 个与萼片刺形成相关的候选基因 *SmCKX*、*SmSTS* 和 *SmFAR*。

2.3 抗病虫性

青枯病是我国南方地区茄子生产的主要病害。茄子对青枯病的抗性遗传机理较为复杂, 不同的抗性材料在抗性遗传机制上存在差异。李涛等 (2019) 研究发现, 茄子 06112 的青枯病抗性受 2 对主效基因控制, 符合加性-显性效应模型, 以加性效应为主, 并获得了 8 个青枯病抗性相关 QTL, 其中 *EBWR2* 和 *EBWR9* 为主效 QTL, *EBWR2b* 位于 2 号染色体 69.766~76.262 cM 之间。重庆市农业科学院研究表明, 抗青枯病材料 E-31 的抗性受 2 个核显性基因控制。 *MKK2*、*MAPK6*、*PAD4*、*NPRI*、*SGT1*、*TGAGluA*、*WRKY70*、*SmEDS1*、*SmPUB* 和 *SmMYB44* 等基因在茄子青枯病抗性反应中起正向调控作用, *SmNAC*、*MAPK3*、*MAPK4*、*NDRI*、*EIL1*、*EIN2* 和 *JAR1* 等可能未参与或起负向调控作用, 青枯病抗病调控可能主要依赖于水杨酸 (SA) 调控途径 (肖熙鸥 等, 2016; Chen et al., 2016; Qiu et al., 2019)。转录因子 *SmMYB44* 正向调控亚精胺合成基因 *SmPDs* 的表达, 可以提高茄子抗

青枯病能力 (Qiu et al., 2019)。通过转录组测序获得了不同青枯病抗、感材料接种病原菌前后的差异表达基因, 并明确了其表达特征和参与的代谢途径 (Chen et al., 2018; 衡周 等, 2019)。接种病原菌前后抗病材料差异基因主要富集在苯丙素类生物合成途径、氨糖和核糖代谢途径以及亚麻酸代谢途径, 感病材料差异基因主要富集在缬氨酸、亮氨酸和苯丙素类生物合成途径以及亚麻酸代谢途径; 抗感材料间差异基因主要富集在苯丙素类生物合成途径、氨糖和核糖代谢途径以及淀粉和蔗糖代谢途径。

此外, 在野生近缘种托鲁巴姆 (*Solanum torvum*) 中克隆了参与黄萎病抗性反应的 *StWRKY1* 基因 (李笑 等, 2017) 和抗根结线虫 *Mi* 基因 (杨旭 等, 2016a)。

2.4 抗非生物胁迫

杨旭等 (2017) 用 196 个 SSR 标记对 219 份茄子材料进行关联分析, 在 8 条染色体获得与耐涝性紧密关联的 27 个标记, 各标记贡献率范围为 2.16%~14.48%, 贡献率最高的是位于 E01 连锁群的标记 *emg21B11*。茄子 *SmMnSOD* 基因可能与抵御渗透性胁迫和干旱胁迫相关 (徐龙 等, 2016)。Peng 等 (2016) 从茄子栽培种及野生种 *S. richardii* 中分别鉴定出参与干旱和热胁迫反应的亚精胺羟肉桂酸转移酶基因 *SmSHT* 和 *SrSHT*。

Li 等 (2016, 2019b) 利用比较转录组学的方法研究了盐渗透性胁迫下茄子的差异表达基因, 发现茄子响应盐胁迫存在基因型和器官特异性模式, 克隆了茄子耐盐相关基因 *SmAKT1* 及其调控因子家族基因 *SmCBLs* 和 *SmCIPKs*, 探究了 *SmCBLs* 和 *SmCIPKs* 之间的互作网络, 明确 CBL-CIPK 复合物在茄子耐盐过程中发挥着重要作用, 初步解析了茄子耐盐的基因调控网络。

Zhou 等 (2018) 鉴定了 3 个冷应答途径关键基因 *SmCBF1*、*SmCBF2* 和 *SmCBF3*, 冷胁迫、干旱、高盐度和 ABA 处理均诱导 *SmCBF1*、*SmCBF2* 和 *SmCBF3* 呈相似表达模式。朱宗文等 (2020) 基于转录组测序分析了低温诱导下茄子差异表达基因, 其主要存在于生物调节过程、细胞过程、代谢过程和单有机体过程中, 上调差异表达基因主要富集在细胞过程、环境信息处理、遗传信息处理和新陈代谢中。

高温胁迫下茄子差异表达基因, 主要涉及代谢途径、激素信号转导和内质网蛋白加工通路等, *HSPs* (*SmHSP 21*、*Sm17.6 HSP*、*Sm22.7 HSP*、*SmHSP 70*、*SmHSP 70-8* 和 *SmHSP 80* 等)、*HSFs* (*SmHSF A-7a*、*SmHSF B-2*) 和 *SmWRKY53* 等响应高温胁迫(孙保娟等, 2018; 尚静等, 2020; Zhang et al., 2020a)。上海市农业科学院利用全基因组测序的 BSA 方法筛选得到与茄子耐热性状相关的 130 个候选基因, 位于 11 号染色体上 1.5 Mb (102.22~103.72 Mb) 的物理距离内, 筛选得到了与耐热性状相关的 9 个 KASP 标记(未发表)。此外, *SmHsfs* 对冷、热、盐和干旱胁迫均有响应, 在提高非生物胁迫的耐受性方面发挥着重要作用(Wang et al., 2020)。

2.5 雄性不育

随着制种成本的增加, 雄性不育突变体将在茄子一代杂种生产中发挥重要作用。研究者们先后同源克隆了茄子核不育基因 *SmLOX*、*SmDAD1*、*SmCOI1*、*SmJAZ1*、*MYC2* 和 *SmOPR3*, 分析表明其参与调控茄子花药开裂过程, *SmLOX* 和 *SmCOI1* 基因在不育系中的表达量低于可育系, 而茉莉酸途径基因 *SmJAZ1* 和 *SmOPR3* 在可育系中上调表达, *SmDAD1* 启动子序列含有多与植物发育及逆境应答相关的顺式作用元件, 且受茉莉酸甲酯(MeJA)、脱落酸(ABA)、水杨酸(SA)、赤霉素(GA)、生长素(IAA)和 1-氨基环丙烷-1-羧酸(ACC)诱导; 蛋白质分析表明 *SmCOI1* 与 *SmOPR3* 直接互作, *SmCOI1* 与 *SmJAZ1* 不互作(张少伟等, 2019, 2020; Zhang et al., 2020b)。

Li 等(2019c)利用 RNA-seq 和 BSA-seq 技术分析茄子天然突变温敏核雄性不育(rTGMS)系 05ms 的败育机理, 发现差异表达基因主要涉及植物激素信号转导、淀粉和蔗糖代谢、苯丙烷生物合成途径; 并鉴定了 2 个 rTGMS 相关候选基因 *4CLL1* 和 *CKII*, 推测 rTGMS 花药败育模型为 *CKII* 响应低温胁迫, 并引起与花药发育相关基因表达变化和绒毡层细胞结构异常, 从而导致雄性不育。Yang 等(2018)利用 RNA-seq 技术和蛋白组技术鉴定了茄子 CMS 不育系 EP26A 和保持系 EP26 在花蕾 3 个发育时期中的差异表达基因, 发现差异表达基因主要富集在氧化还原、糖和氨基酸

代谢、转录调控等途径。

2.6 种间杂交

从分子水平研究种间杂种对于挖掘和转育野生近缘种中的抗病抗逆基因具有意义。Li 等(2020)分析了茄子栽培种和野生种(*S. aethiopicum*)自交和杂交 4 d 和 6 d 后子房的转录组数据, 在栽培种和种间杂种中鉴定出 22 311 个差异表达基因, 所有授粉组合中共有 497 个差异表达基因在植物激素转导、细胞衰老、代谢和生物合成途径中富集; 种间杂种中差异表达基因涉及次级代谢过程、苯丙氨酸代谢过程和羧肽酶活性, 对照栽培种中差异表达基因涉及木葡聚糖代谢过程、生长素激活信号传导途径、细胞壁多糖代谢过程和木糖葡萄糖基转移酶活性。推测包括 AP2-ERF、MYB、bHLH 和 B3 家族成员在内的 1 683 个转录因子可能在自交和杂交中发挥重要作用。研究结果初步解析了茄子种间杂交的基因调控网络, 有助于了解茄子栽培种和野生种种间杂交生殖障碍机理, 为克服种间杂种后代不育提供技术支撑。

3 重要育种技术体系进一步优化和建立

种质创制、分子标记辅助育种等关键育种技术的建立, 是提高育种效率的基础。“十三五”期间, 茄子细胞工程育种技术得到了进一步优化和完善, 建立了茄子离体快繁再生技术体系, 分子标记辅助育种技术开始用于育种材料的鉴定和筛选, 优化和建立了基因功能研究技术体系, 为育种材料的创制和新品种的选育提供了重要技术支撑。

3.1 细胞工程育种技术

在细胞工程育种技术领域, 茄子花药培养技术、小孢子培养技术和体细胞融合技术进一步优化和完善。不同基因型茄子花药培养获得的愈伤组织诱导率差异较大, 将花药培养获得的愈伤进行再生植株诱导, 不定芽诱导率从 10.5% 提高到 50%(鲍生有等, 2017)。通过对小孢子培养条件、培养基成分和培养方式进行改进和优化, 显著提高了茄子小孢子愈伤组织的诱导率和分化率, 愈伤组织诱导率达 27.2%, 不定芽分化率从 7% 提高到 39%, 但不同基因型间差异较大, 白肉紫红圆茄愈伤组织较易诱导产生不定芽, 分化率达 69%, 绿茄和绿肉紫

黑圆茄为 56%，紫萼长茄为 7%，绿萼长茄最难诱导分化（王利英等，2016；朱朝辉等，2020）。通过对酶解最适时间、电融合参数研究，建立了野生蒜芥茄（*S. sisymbriifolium*）和水茄（*S. torvum*）的体细胞融合技术体系（郭欢欢等，2019）。

3.2 茄子离体快繁再生技术

茄子开花至果实生理成熟需 50~60 d，在果实成熟期常因病害等导致植株死亡或果实腐烂，无法收到种子，导致育种材料丢失。茄子未成熟种子成苗技术（陈钰辉等，2020）、枝条扦插（崔群香等，2017）和微快繁技术（乔军等，2016）的建立，为解决该问题提供了技术支撑，可用于茄子种质资源的保存和快繁。

3.3 重要性状分子标记的开发

茄子基因组序列图谱的进一步完善，为在全基因组水平上规模化开发第 3 代 SNP、InDel 分子标记，建立高通量分子标记辅助育种技术体系及种质资源的分子评价奠定了良好基础。开发了基于茄子基因组重测序的 SNP、InDel 标记，基于转录组测序的 SSR 标记，并已应用于茄子指纹图谱构建、遗传多样性分析和茄子品种纯度鉴定中（魏明明等，2016；吉康娜等，2019；Liu et al., 2019；曾美娟等，2020）。中国农业科学院蔬菜花卉研究所、上海市农业科学院、武汉市农业科学院、重庆市农业科学院和华南农业大学等单位分别开发了抗青枯病、抗枯萎病、耐热、果皮颜色、果萼颜色 InDel 标记和 CAPS 标记。抗青枯病的 InDel 标记 EP1853、EP1856 和 EP1869，可用于抗青枯病基因 *BW2* 的鉴定，果色 CAPS 标记 *col2* 可用于非光敏茄子中果色基因的鉴定，果萼颜色 CAPS 标记 *Sme2.5_24 887.1* 鉴定绿色萼片的准确率为 71.7%，SNP 标记 *SmemboI-1* 和 *SmemboI-2* 及 2 个 SSR 标记可分别用于茄子品种紫龙 3 号和迎春 4 号的种子纯度鉴定。

3.4 转基因技术

茄子遗传转化体系进一步优化和建立。对茄子 VIGS 技术体系中的温度、接种苗龄和目的基因片段长度等因子进行了进一步优化，建立了茄子 VIGS 技术体系。在昼夜温度 25℃/20℃，16 h 光周期条件下，25 kPa 压强下真空抽气 2 min 渗透侵染露白后 2~3 d 的种子能够获得最佳沉默效率，

且在不同基因型茄子中沉默效率均较高（刘军等，2018）。以经过改造的烟草脆裂病毒（tobacco rattle virus, TRV）载体 PYL156 为工具，目的基因沉默片段大小为 200 bp 左右，昼夜温度为 $(25 \pm 3)^\circ\text{C}$ / $(20 \pm 2)^\circ\text{C}$ 时，采用叶片注射法侵染茄子幼苗子叶，植株沉默效果明显（齐东霞等，2018）。该技术已用于 *SmIAA19*、*SmMsrA*、*SmAGPP* 等基因的功能研究及茄子抗青枯病的分子机理研究，为茄子的功能基因组学研究提供了技术平台。目前茄子遗传转化体系是基于组培的农杆菌介导法，以子叶和下胚轴为外植体，但不同基因型茄子愈伤诱导、不定芽再生和转化效率差异较大，建立适宜不同基因型的遗传转化体系是提高茄子基因功能研究和基因编辑等分子育种效率的基础。对不同类型茄子的子叶和下胚轴培养基条件进行了进一步的探究，再生频率和遗传转化率显著提高。栽培茄子叶的再生效果优于下胚轴，子叶的出愈率和出芽率均达 100%；最优愈伤和不定芽分化培养基为 $\text{MS} + 2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{ZT} + 0.1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{NAA} + 30 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{蔗糖} + 7 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{琼脂}$ ，最优不定芽伸长培养基为 $\text{MS} + 30 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{蔗糖} + 7 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{琼脂}$ ，伸长率可达 93%；子叶再生频率最高可达 0.93（姜悬云等，2018）。建立了红茄（*S. integrifolium* Poir.）再生体系，子叶和下胚轴的出愈率达 100%，诱导愈伤组织的最佳培养基为： $\text{MS} + 0.2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{NAA} + 1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} 6\text{-BA}$ ；下胚轴的愈伤组织出芽率为 25.00%~38.89%，明显高于子叶愈伤组织的出芽率，不定芽诱导最佳培养基为 $\text{MS} + 0.3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{IAA} + 2.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} 6\text{-BA}$ ；不定芽生根最佳培养基为 1/2MS（杨旭等，2016b）。以栽培茄三月茄子叶作为外植体，遗传转化率从 6.08% 提高到 11.02%，下胚轴作为外植体遗传转化率提高到 4.38%（胡鑫等，2020），相继获得了 *SmMsrA* 等系列基因的转基因植株，为基因功能研究和基因编辑等分子育种技术奠定了基础。

4 种质资源评价与创制

“十三五”期间，我国主要科研单位在茄子种质资源评价与创制方面重点开展了茄子种质资源遗传多样性分析、地方品种鉴定、高营养品质和优异株型种质挖掘、抗病抗非生物胁迫（低温、高温等）资源的鉴定评价，筛选和培育了一批优异的茄子种

质资源和育种材料,为我国茄子优良新品种的培育奠定了坚实基础。

据国内参加国家重点研发计划(2016YFD0100204、2017YFD0101900)的茄子育种科研单位不完全统计,新鉴定评价了国内外性状优良的茄子种质资源 720 份,筛选、创制出目标性状突出且综合性状较好的优异种质 46 份,其中有育种利用价值的地方品种纯系 12 份、耐热材料 3 份、耐低温材料 5 份,有育种利用价值的导入系 9 份,雄性不育兼单性结实育种材料 3 份,抗青枯病优异种质 5 份、抗枯萎病种质 3 份、叶色黄化突变体 1 份,抗枯萎病和青枯病远缘种间杂交中间材料 5 份。耐热性强的材料在高温下不退色、表皮光亮;耐低温材料在低温下着色均匀、表皮光亮,连续坐果性较好;雄性不育兼单性结实材料在网室中的不育株率均为 100%,露地不育株率在 98% 以上,在温度低于 17℃ 时表现单性结实。这些材料可用于抗逆(耐低温、高温)、抗枯萎病和青枯病、雄性不育和单性结实及短节间育种材料的创制和新组合的配制。茄子叶色黄化突变性状可作为指示性状鉴定茄子杂种纯度。纯化鉴定茄子自交系材料 3 400 份,鉴定筛选出优良亲本材料 75 份,其中株型直立、不易倒伏、耐热性强的材料 18 份;耐低温弱光、综合抗性强的材料 15 份;节间短、植株紧凑的材料 3 份;连续坐果能力强、果色亮度好的材料 2 份。创制 DH 系 40 余份。

从表型和分子水平上开展了茄子种质资源遗传多样性分析及俄罗斯和中国茄子种质亲缘关系比较研究,结果进一步表明茄子遗传基础相对狭窄,尤其是圆形和卵圆形茄子的遗传背景非常狭窄;植株颜色、生长势、株型、主茎颜色、叶片形态、果实形态、果皮颜色、果肉颜色、单果质量、萼片颜色、萼刺、花瓣颜色是判断茄子品种间遗传多样性和亲缘关系的重要指标,不同来源种质资源类群划分与地理来源没有直接关系,但与果实性状有一定相关性(齐东霞等,2017;吴丽艳等,2018;Liu et al.,2019;邓姗等,2020;张鸿燕等,2020;张强强等,2020)。

利用紫外分光光度计法,评价鉴定了 53 份茄子材料的 VP 含量,新鲜果肉和果皮中 VP 含量分别为 0.18~0.82 mg·g⁻¹ (FW) 和 0.42~2.32 mg·g⁻¹

(FW),果皮中 VP 含量高于果肉,果皮颜色较深的材料中 VP 含量高于颜色浅的材料(Dong et al.,2020)。

不同研究团队先后开展了茄子种质资源抗病(褐纹病、黄萎病、绵疫病)(杨绍丽等,2016;席亚东等,2020;张鸿燕等,2020)、抗虫(烟粉虱、二斑叶螨)(金桂华等,2016;Hasanuzzaman et al.,2016,2018)、耐盐、耐旱、耐涝等抗非生物胁迫(李静等,2016;杨旭等,2017;张宇等,2018;吴宏琪等,2020)资源的评价鉴定,筛选获得抗褐纹病材料 4 份、抗黄萎病材料 9 份、中抗绵疫病材料 2 份、抗烟粉虱材料 1 份、抗二斑叶螨材料 1 份,抗虫材料均为野生种,分别为托鲁巴姆(*S. torvum*)和蒜芥茄(*S. sisymbriifolium*)。建立了适合茄子种质资源芽期和苗期耐盐性鉴定的形态及生理指标,发现刺茄、蒜芥茄、马来亚茄、眉州墨茄、天津二茺茄、福农绿茄和竹丝茄 ST118 耐盐性较强。此外,李智荣等(2020)分析了不同茄子材料苗期和花期生物量与镉积累的关系,获得 2 份低镉积累材料 XN-Z1-2 和 ZF-Z1-2。

进一步对茄子野生种和栽培种抗病砧木种质进行了评价。王岳霞等(2018)通过对国内外 11 份茄子栽培种砧用种质评价,筛选出可用于抗青枯病砧木品种选育的亲本材料 6 份。龙葵作为砧木嫁接茄子可增加幼苗抗氧化酶活性和叶绿素含量,优于 *S. diphyllum*、*S. nigrum humile* 和 *S. alatum* (Pan et al.,2019)。使用赤茄作为砧木嫁接可有效降低设施栽培中黄萎病的发生,获得最大产量和最优品质(缪其松等,2020)。云南野生茄富硒能力强,可作为富硒茄子生产的砧木(鲁荣海等,2020)。

5 育成和推广一批满足生产和市场需求的新品种

“十三五”期间,共有近 40 家育种单位育成 88 个茄子新品种,其中科研院所育成 59 个,占比为 67.05%;企业育成 26 个,占比为 29.55%;大学育成 3 个,占比为 3.41%;这表明科研院所仍是茄子新品种创新的主力军。育成品种中有 18 个新品种通过省(市)农作物品种审定委员会审定、认定或鉴定。

申请植物新品种保护的茄子品种 66 个,其中

科研院所 40 个, 占比为 60.61%; 企业 23 个, 占比为 34.85% (国外公司 2 个, 占比为 3.03%); 大学 3 个, 占比为 4.55%。授权植物新品种保护权的品种 8 个, 获授权新品种数量占申请品种数量的 12.12%, 说明申请的品种相似性较高。

针对我国茄子生产方式变化趋势和不同的生态类型及市场消费需求, “十三五” 期间, 培育出一批满足茄子生产和多样化消费需求的优良茄子新品种。主要包括适宜华北和西北地区栽培的园杂 460 (刘富中等, 2018)、园丰 7 号、长杂 216、京茄 110、京茄 338、海丰长茄 5 号 (惠志明等, 2017) 等; 适宜西南地区长季节栽培的嫁接品种渝茄 5 号、渝茄 7 号等; 适宜华南地区栽培的农夫 2 号、农夫 3 号 (李植良等, 2019)、闽茄 6 号 (黄建都等, 2020) 和赣茄 2 号 (戴方荣等, 2019) 等; 适宜华东地区栽培的浙茄 10 号、沪黑 6 号 (吴雪霞等, 2019)、沪茄 5 号等; 适宜长江中下游地区栽培的迎春 4 号、紫龙 9 号、苏茄 6 号、皖茄 15、皖茄 050 等; 适宜东北地区栽培的龙杂茄 9 号 (曲红云等, 2019)、哈茄 V8 (戴忠仁和李烨, 2017)、辽茄 13 号、16Q06、16Q09 等。一些有特色、口感好的新品种受到市场青睐。如绿茄品种绿玉 1 号 (米国全等, 2017)、驻茄 15 号 (王勇等, 2020)、绿天使 (朱宗文等, 2020)、绿秀丽、翡翠绿 (林鉴荣等, 2020) 等; 白茄品种象牙白茄 2 号 (曹翠文等, 2017)、真糯烧烤茄等。这些品种的推广基本满足了我国茄子周年栽培、周年供应和产品类型多样化的需求。

目前国内育成的茄子品种在生产中占主导地位, 占市场份额的 90% 以上。但在北方保护地茄子生产中, 国外品种占主导地位, 种植面积较大的进口品种有布利塔、765、长戈 1 号、大龙、紫丽人等。

6 问题与展望

6.1 加强种质资源搜集、保存、鉴定和创制

种质资源是育种的基础。我国茄子种质资源遗传背景相对狭窄, “十三五” 期间对部分种质资源进行了评价和优良性状挖掘等研究, 但远远不能满足育种的需求。广泛搜集和引进优良种质资源仍将是未来一段时间内我国茄子遗传育种的重要任务。

应加强种质资源的精准鉴定和优良基因挖掘相关研究, 尤其是对茄子多种病虫害具有较强抗性、有潜在育种价值的茄子野生近缘种基因的深入挖掘, 针对优异种质资源建立一套系统的高效利用体系, 快速地将特异种质材料用于茄子育种实践。利用现代高新育种技术如原生质体融合、花药和小孢子培养技术等与常规育种技术相结合开展种质创新, 拓展茄子的遗传背景, 为加快茄子新品种选育、提高育种水平奠定材料基础。

6.2 拓展育种新技术、提高育种效率

不同类型茄子全基因组序列和变异组数据已公布, 但茄子基础研究还很薄弱, 重要农艺性状和抗病抗逆位点的遗传规律和关键调控基因尚未清楚, 如何利用多组学数据结合传统的遗传学分析方法挖掘目标性状的调控基因和解析其遗传调控机理, 开发可用于育种实践的分子标记, 为茄子遗传育种提供理论和技术支撑, 是亟待解决的问题。

开展茄子雄性不育材料的创制和育种技术研究; 深化单性结实基因挖掘和分子调控机制研究; 重视茄子主要经济性状遗传规律和基因挖掘研究, 探讨茄子杂种优势在不同生态环境的可塑性和适应性分子机理, 为提高亲本选育效率和杂交组合配制提供理论依据; 针对主要性状关键遗传变异位点, 开发新型实用分子标记, 建立高通量分子标记辅助选择体系; 建立和优化不同类型茄子品系的遗传转化体系, 开展重要基因的遗传转化和基因编辑技术研究, 实现定制化创制和改良茄子种质材料。

6.3 加强抗病育种研究

抗主流病害和新型流行病害是茄子抗病育种的目标。茄子枯萎病、黄萎病、青枯病、绵疫病和褐纹病等病害在生产中的发生依然严重, 近年在北方保护地中发生流行的灰霉病和斑驳紫花病, 严重制约着茄子产业的发展, 尤其是一些地区病原菌生理小种的分化及栽培种茄子中抗源匮乏等问题, 成为抗病遗传育种研究的瓶颈。加强茄子抗病种质资源搜集和抗病基因挖掘, 特别是栽培种中没有的抗病基因的挖掘, 同时利用远缘杂交、细胞工程和基因编辑等技术创制茄子抗病新种质, 分析病原菌生理小种的分化情况, 对提高茄子抗病育种水平意义深远。

6.4 加强优质、多元化和专用品种选育

大健康产业已上升为国家战略, 生产者和消费

者对外观优美、口感好、营养型的品种需求不断增加。茄子是 VP 含量最高的蔬菜,紫色果皮中富含花青苷,花青苷因其强抗氧化特性,具有预防癌症、心脑血管疾病和老年痴呆症等功能,已成为重要的营养物质,阐明其形成机理是营养品质育种亟待解决的课题。

茄子生产和消费具有明显的地域性。华北地区以圆茄为主,东北和南方地区以长茄为主、部分地区以卵圆茄为主;茄子栽培模式多样,不同茬口、不同季节均有栽培。为实现茄子的周年供应和满足消费者对茄子的需求,多元化品种选育是茄子主要育种目标之一。合理株型材料和南方耐热育种材料的创制是主要研究任务(杨锦坤等,2019)。

我国设施专用茄子品种的选育研究起步较晚,尤其是适合我国特有的节能型日光温室生态环境的长季节栽培专用种质材料和品种十分匮乏,是制约设施茄子产业发展的技术瓶颈和短板。荷兰瑞克斯旺(Rijkzwaan)、法国利马格兰(Limagrain)等公司选育的品种占据了北方设施茄子栽培的大部分市场,使我国茄子种业受到国外品种的强力冲击。需要探究低温弱光下茄子果实发育机理,建立设施育种材料评价技术体系,创制创新设施育种材料,解决设施品种育种材料匮乏的短板,培育有自主知识产权、符合国内消费市场的茄子设施品种,打破国外品种的垄断。

参考文献

- 鲍生有,周晓慧,刘军,庄勇.2017.激素浓度对茄子花药愈伤再生植株的影响.分子植物育种,15(12):5134-5139.
- 曹翠文,林鉴荣,李莲芳.2017.茄子新品种“象牙白茄2号”的选育.蔬菜,(9):77-79.
- 陈钰辉,连勇,刘富中,张映.2020.一种缩短茄子出芽成苗时间的方法:中国,ZL201710819275.1.
- 崔群香,郝振萍,张爱慧,刘卫东,朱士农,王长义.2017.茄子枝条扦插技术研究及其在茄子育种中的应用.金陵科技学院学报,33(3):73-76.
- 戴方荣,陈学军,周坤华,袁欣捷.2019.茄子新品种“赣茄2号”.园艺学报,46(10):2065-2066.
- 戴忠仁,李烨.2017.茄子新品种“哈茄V8”.园艺学报,44(增刊2):2685-2686.
- 邓娜,任丽,章毅颖,赵洪,陈海荣,褚云霞.2020.基于DUS测试指南的茄子种质资源多样性分析.分子植物育种,18(19):6518-6529.
- 耿树文,张映,刘富中,陈玉辉,连勇.2018.茄子果顶形状数据采集方法比较和遗传分析.中国蔬菜,(7):48-55.
- 郭欢欢,陈钰辉,杨锦坤,刘富中,张映,连勇.2019.野生茄子原生质体制备及电融合条件研究.中国蔬菜,(7):51-55.
- 郭亚鹤,李艳玮,张映,陈钰辉,连勇,刘富中.2018.茄子单性结实相关基因的挖掘与分析.分子植物育种,16(12):3808-3819.
- 衡周,李涛,李植良,孙保娟,宫超,黎振兴.2019.不同抗性茄子根系接种青枯菌前后的转录组分析.园艺学报,46(增刊1):2619.
- 胡鑫,蓝宇涵,陈思焱,谢有林,朱黎黎,陈松林,刘慧欣,苏承刚.2020.农杆菌介导的三月茄遗传转化体系的优化研究.西南大学学报(自然科学版),42(9):57-62.
- 黄建都,林琚,高山,叶新如,王彬,张前荣,温庆放,陈继兵.2020.茄子新品种闽茄6号的选育.中国蔬菜,(7):93-95.
- 惠志明,邓晓梅,邢永萍,张树根,张军民,王振泉,张秦,李春玲.2017.茄子新品种“海丰长茄5号”.园艺学报,44(增刊2):2683-2684.
- 吉康娜,鄧俊杰,林丹妮,颜爽爽,田时炳,曹必好,邱正坤.2019.基于茄子基因组重测序的InDel标记开发及应用.植物遗传资源学报,20(5):1278-1288.
- 姜悬云,鲍生有,刘军,杨艳,周晓慧,庄勇.2018.茄子高效离体再生体系的优化建立.分子植物育种,16(16):5369-5375.
- 金桂华,宫亚军,潜宗伟,朱亮,王泽华,陈金翠,魏书军.2016.二斑叶螨对不同品种茄子的选择性与适合度.昆虫学报,59(3):328-336.
- 李静,任丽,谢文绮,蒋明敏,刘杨,陈火英.2016.耐旱耐盐茄子材料的筛选及茄子中CBLs、CIPKs基因的功能分析.上海:第十届上海市植物生物学青年学术研讨会.
- 李涛,宫超,衡周,孙保娟,黎振兴,李植良.2019.茄子青枯病抗性遗传分析及基于Super-BSA的QTL定位.园艺学报,46(增刊1):2620.
- 李笑,王金彦,刘廷利,张保龙,杨旭.2017.野生茄托鲁巴姆*SlWRKY-1*的克隆及功能分析.扬州:江苏省遗传学会2017年学术研讨会.
- 李植良,黎振兴,李涛,孙保娟,李颖,徐小万,王恒明,衡周,宫超.2019.茄子新品种“农夫3号”.园艺学报,46(增刊2):2793-2794.
- 李智荣,鲁荣海,潘绍坤,杨柳,林立金,李红艳,向娟,吴永枚.2020.不同茄子材料的镉积累特性研究.湖北农业科学,59(14):97-100.
- 林鉴荣,曹翠文,朱德宁,李莲芳.2020.优质绿长茄新品种“翡翠绿茄子”的选育.蔬菜,(10):70-72.
- 刘富中,连勇,陈钰辉,张映.2018.圆茄新品种“园杂460”.园艺学报,45(5):1011-1012.
- 刘富中,张映,陈钰辉,李香景,张伟伟,齐东霞,连勇.2019.与植物果实发育相关的蛋白及其编码基因与应用:中国,ZL201710774019.5.
- 刘军,杨艳,周晓慧,姜悬云,鲍生有,庄勇.2018.应用于茄子的病毒诱导的基因沉默体系的建立与优化.江苏农业学报,

- 34 (4): 880-886.
- 刘卫, 刘杨, 任丽, 蒋明敏, 葛海燕, 沈海斌, 古在丽, 陈火英. 2017. 光照对非光敏型茄子花青素合成相关基因的影响. 分子植物育种, 15 (3): 848-857.
- 鲁荣海, 席春奕, 潘绍坤, 唐有万, 李丽平, 刘媛, 吴永枚. 2020. 11 份茄子砧木材料的砷富集差异研究. 长江蔬菜, (14): 61-64.
- 米国全, 程志芳, 韩永平, 史艳艳, 韩娅楠, 王晋华. 2017. 茄子新品种‘绿玉 1 号’. 园艺学报, 44 (增刊 2): 2681-2682.
- 缪其松, 王强, 王东升, 魏猷刚, 张燕燕. 2020. 四种砧木对黄萎病高发区设施连作茄子产量、品质及发病率的影响. 北方园艺, (1): 50-56.
- 齐东霞, 张映, 刘富中, Artemyeva A, Gashkova I. 2017. 中俄茄子种质资源遗传多样性研究. 植物遗传资源学报, 18 (3): 404-412.
- 齐东霞, 张映, 赵祯, 张伟伟, 陈钰辉, 连勇, 田时炳, 刘富中. 2018. 茄子 TRV-VIGS 体系的优化及 *SmLAA19* 基因功能初步分析. 园艺学报, 45 (4): 691-701.
- 潜宗伟, 陈海丽, 崔彦玲. 2019. 利用转录组测序分析茄子萼片刺相关差异基因. 华北农学报, 34 (4): 53-61.
- 乔军, 石瑶, 连勇, 刘富中, 陈钰辉, 张映, 李素文, 王利英. 2016. 降低茄子茎段组培染菌率的初步研究. 中国蔬菜, (7): 64-67.
- 曲红云, 袁海燕, 张军民, 徐军生, 王世平. 2019. 优质早熟紫长茄新品种“龙杂茄 9 号”的选育. 北方园艺, (17): 178-180.
- 尚静, 刘晓慧, 张爱冬, 朱宗文, 查丁石, 孔令娟, 吴雪霞. 2020. 茄子 *SmWRKY53* 基因克隆与生物信息学及表达分析. 分子植物育种, <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20201125.1842.014.html>.
- 孙保娟, 衡周, 宫超, 李涛, 黎振兴, 李植良. 2018. 高温胁迫下茄子耐热和热敏材料转录组差异表达分析. 园艺学报, 45 (增刊 1): 2614.
- 孙保娟, 李植良, 李涛, 黎振兴, 衡周, 宫超. 2019. 茄子果色上位 *P* 基因紧密连锁的 *InDel* 分子标记及其应用. 园艺学报, 46 (增刊 1): 2618.
- 肖熙鸥, 蒋晶, 陈娜, 雷建军, 吕玲玲, 曹必好. 2016. 茄子调控抗青枯病反应信号基因的筛选和鉴定. 园艺学报, 43 (7): 1295-1304.
- 王利英, 乔军, 石瑶, 连勇, 刘富中, 陈钰辉, 张映, 李素文. 2016. 基因型对茄子小孢子培养诱导单倍体的影响. 山西农业科学, 44 (3): 284-287.
- 王勇, 姜俊, 赵红星, 李艳, 吴雪霞, 查丁石. 2020. 茄子新品种驻茄 15 号的选育. 中国蔬菜, (9): 82-84.
- 王岳霞, 钟川, 赵文宗, 廖建杰, 傅慧珍, 阳燕娟, 于文进. 2018. 茄子栽培种砧用种质农业生物学性状及嫁接适用性研究. 广西植物, 38 (8): 1015-1024.
- 魏明明, 陈钰辉, 刘富中, 张映, 连勇. 2016. 基于转录组测序的茄子 SSR 标记开发. 植物遗传资源学报, 17 (6): 1082-1091.
- 吴宏琪, 林碧英, 李彩霞, 刘旭, 张子昆, 钟路明. 2020. 不同茄子品种幼苗耐盐性评价. 河南农业科学, 49 (10): 92-100.
- 吴丽艳, 杜光辉, 鲍锐, 黎志彬, 龚亚菊. 2018. 茄子种质资源的农艺性状与 SSR 标记的遗传多样性研究. 云南大学学报 (自然科学版), 40 (4): 820-828.
- 吴雪霞, 朱宗文, 张爱冬, 张圣美, 尚静, 查丁石. 2019. 茄子新品种‘沪黑 6 号’. 园艺学报, 46 (增刊 2): 2789-2790.
- 席亚东, 乔昕, 房超, 吴婕, 韩帅, 张河庆. 2020. 四川茄子对绵疫病菌 *Phytophthora capsici* 的抗性鉴定与评价. 北方园艺, (14): 8-17.
- 徐龙, 陈火英, 蒋明敏, 刘杨. 2016. 茄子 *MnSOD* 基因的克隆及表达分析. 植物生理学报, 52 (10): 1537-1545.
- 杨锦坤, 张映, 陈钰辉, 连勇, 郭欢欢, 刘富中. 2019. 茄子株高性状鉴定与遗传分析. 中国蔬菜, (11): 36-40.
- 杨绍丽, 吴仁锋, 马晓龙, 杨德枝. 2016. 湖北省茄子品种抗褐斑病鉴定. 中国蔬菜, (1): 64-66.
- 杨旭, 李笑, 翁伟, 成玉富, 陈学好. 2016a. 野生茄托鲁巴姆抗根结线虫相关基因的克隆与表达分析. 分子植物育种, 14 (12): 3315-3324.
- 杨旭, 霍秋月, 成玉富, 薛林宝, 陈学好. 2016b. 红茄子叶和下胚轴离体再生体系研究. 分子植物育种, 14 (10): 2756-2761.
- 杨旭, 王露, 张宇, 刘飞, 成玉富, 陈学好. 2017. 茄子种质资源苗期耐涝性与 SSR 标记的关联分析. 分子植物育种, 15 (11): 4635-4641.
- 张鸿燕, 方荣, 陈学军, 周坤华, 袁欣捷, 雷刚, 黄月琴. 2020. 茄子种质表型性状鉴定与黄萎病抗性评价. 核农学报, 34 (8): 1645-1654.
- 张君豪, 何永军, 周露, 刘杨, 陈火英. 2019. 茄子紫外光受体蛋白基因 *SmUVR8* 的克隆及功能分析. 园艺学报, 46 (2): 295-306.
- 张立慧. 2016. 茄子单性结实相关基因的克隆及表达分析 (硕士论文). 重庆: 西南大学.
- 张强强, 江海坤, 王艳, 梁赛, 隋益虎, 贾利, 方凌, 张其安, 董言香. 2020. 基于 *InDel* 标记的茄子种质资源遗传多样性分析. 中国蔬菜, (10): 42-47.
- 张少伟, 郭航, 宋明, 汤青林, 魏大勇, 杨洋, 王永清, 田时炳, 王志敏. 2019. 功能性雄性不育茄子 *SmLOX* 基因的克隆与表达分析. 分子植物育种, 17 (13): 4171-4177.
- 张少伟, 袁超, 牛义, 汤青林, 魏大勇, 王永清, 田时炳, 杨洋, 王志敏. 2020. 茄子花药开裂相关基因 *SmDAD1* 启动子的克隆及功能分析. 园艺学报, 47 (4): 643-652.
- 张宇, 马乐, 卢垚, 王露, 杨旭. 2018. 茄子种质资源耐盐性鉴定及耐盐评价指标筛选. 中国蔬菜, (9): 14-23.
- 曾美娟, 刘建汀, 卓玲玲, 陈敏敏, 叶新如, 王彬, 朱海生, 温庆放. 2020. 茄子 EST-SSR 分子标记的鉴定及多态性分析. 中国细胞生物学学报, 42 (8): 1366-1373.
- 朱朝辉, 赵瑞丽, 曾小玲, 陈继兵, 徐同伟. 2020. 茄子小孢子再生体系的优化. 广东农业科学, 47 (8): 15-21.
- 朱宗文, 吴雪霞, 王勇, 姜俊, 沈海斌, 田守波, 查丁石. 2020. 茄子新品种‘绿天使’. 园艺学报, <https://doi.org/10.16420/>

j.issn.0513-353x.2020-0184.

- 朱宗文, 吴雪霞, 张爱冬, 查丁石. 2020. 茄子耐低温性差异材料的筛选及其转录组分析. 分子植物育种, <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20200630.1044.006.html>.
- Chen N, Wu S H, Fu J L, Cao B H, Lei J J, Chen C M, Jiang J. 2016. Overexpression of the eggplant (*Solanum melongena*) NAC family transcription factor SmNAC suppresses resistance to bacterial wilt. *Scientific Reports*, 6: 31568.
- Chen N, Yu B W, Dong R Y, Lei J J, Chen C M, Cao B H. 2018. RNA-Seq-derived identification of differential transcription in the eggplant (*Solanum melongena*) following inoculation with bacterial wilt. *Gene*, 644: 137-147.
- Chen X, Zhang M, Tan J, Huang S P, Wang C L, Zhang H Y, Tan T M. 2017. Comparative transcriptome analysis provides insights into molecular mechanisms for parthenocarpic fruit development in eggplant (*Solanum melongena* L.). *PLoS One*, 12 (6): e0179491.
- Dong R Y, Yu B W, Yan S S, Qiu Z K, Lei J J, Chen C M, Li Y, Cao B H. 2020. Analysis of vitamin P content and inheritance models in eggplant. *Horticultural Plant Journal*, 6 (4): 240-246.
- Du L M, Bao C L, Hu T H, Zhu Q M, Hu H J, He Q Y, Mao W H. 2016. SmARF8, a transcription factor involved in parthenocarp in eggplant. *Molecular Genetics and Genomics*, 291: 93-105.
- Hasanuzzaman A M, Islam M N, Zhang Y, Zhang C Y, Liu T X. 2016. Leaf morphological characters can be a factor for intra-variety preference of whitefly *bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) among eggplant varieties. *PLoS One*, 11 (4): e0153880.
- Hasanuzzaman A T M, Islam M N, Liu F H, Cao H H, Liu T X. 2018. Leaf chemical compositions of different eggplant varieties affect performance of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) nymphs and adults. *Journal of Economic Entomology*, 111 (1): 445-453.
- He Y J, Chen H, Zhou L, Liu Y, Chen H Y. 2019. Comparative transcription analysis of photosensitive and non-photosensitive eggplants to identify genes involved in dark regulated anthocyanin synthesis. *BMC Genomics*, 20: 678.
- Jiang M M, Liu Y, Ren L, Lian H L, Chen H Y. 2016a. Molecular cloning and characterization of anthocyanin biosynthesis genes in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Acta Physiol Plant*, 38: 163.
- Jiang M M, Ren L, Lian H L, Liu Y, Chen H Y. 2016b. Novel insight into the mechanism underlying light-controlled anthocyanin accumulation in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Plant Science*, 249: 46-58.
- Jiang M, Liu Y, Ren L, She X, Chen H. 2018. Light regulates ascorbic acid accumulation and ascorbic acid-related genes expression in the peel of eggplant. *South African Journal of Botany*, 114: 20-28.
- Li J, Jiang M M, Ren L, Liu Y, Chen H Y. 2016. Identification and characterization of CBL and CIPK gene families in eggplant and characterization of CBL and CIPK gene families in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Molecular Genetics and Genomics*, 291: 1769-1781.
- Li J, He Y J, Zhou L, Liu Y, Jiang M M, Ren L, Chen H Y. 2018. Transcriptome profiling of genes related to light-induced anthocyanin biosynthesis in eggplant (*Solanum melongena* L.) before purple color becomes evident. *BMC Genomics*, 19: 201.
- Li D D, Qian J, Li W J, Jiang Y Q, Gan G Y, Li W L, Chen R Y, Yu N, Li Y, Wu Y G, Kang D X, Lian J M, Niu Y C, Wang Y K. 2019a. Genome sequence and analysis of the eggplant (*Solanum melongena* L.). *BioRxiv*, 10. Doi: 10.1101/824540.
- Li J, Gao Z, Zhou L, Li L Z, Zhang J H, Liu Y, Chen H Y. 2019b. Comparative transcriptome analysis reveals K⁺ transporter gene contributing to salt tolerance in eggplant. *BMC Plant Biology*, 19: 67.
- Li B, Chen X P, Wu Y R, Gu A X, Zhang J J, Luo S X, Gao X R, Zhao J J, Pan X Q, Shen S X. 2019c. Gene characterization and molecular pathway analysis of reverse thermosensitive genic male sterility in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Horticulture Research*, 6: 118.
- Li D D, Li S Q, Li W J, Liu A K, Jiang Y Q, Gan G Y, Li W L, Liang X Y, Yu N, Chen R Y, Wang Y K. 2020. Comparative transcriptome analysis provides insights into the molecular mechanism underlying double fertilization between selfcrossed *Solanum melongena* and that hybridized with *Solanum aethiopicum*. *PLoS One*, 15 (8): e0235962.
- Liu W L, Qian Z W, Zhang J, Yang J J, Wu M S, Barchi L, Zhao H Y, Sun H H, Cui Y L, Wen C L. 2019. Impact of fruit shape selection on genetic structure and diversity uncovered from genome-wide perfect SNPs genotyping in eggplant. *Molecular Breeding*, 39: 140.
- Pan S K, Lu R H, Li H Y, Lin L J, Tang Y W. 2019. Effects of different *Solanum* rootstocks on photosynthetic pigment contents and antioxidant enzyme activities of eggplant seedlings under cadmium stress. *Earth and Environmental Science*, 358: 022079.
- Peng H, Yang T B, Whitaker B D, Trouth F, Shangguan L F, Dong W, Jurick W M. 2016. Characterization of spermidine hydroxycinnamoyl transferases from eggplant (*Solanum melongena* L.) and its wild relative *Solanum richardii* Dunal. *Horticulture Research*, 3: 16062.
- Qiu Z K, Yan S S, Xia B, Jiang J, Yu B W, Lei J J, Chen C M, Chen L, Yang Y, Wang Y Q, Tian S B, Cao B H. 2019. The eggplant transcription factor MYB44 enhances resistance to bacterial wilt by activating the expression of *spermidine synthase*. *Journal of Experimental Botany*, 70 (19): 5343-5354.
- Song B, Song Y, Fu Y, Kizito E B, Kamenya S N, Kabod P N, Liu H, Muthemba S, Kariba R, Njuguna J, Maina S, Stomeo F,

- Djikeng A, Hendre P S, Chen X L, Chen W B, Li X L, Sun W J, Wang S B, Cheng S F, Muchugi A, Jamnadass R, Shapiro H Y, van Deynze A, Yang H M, Wang J, Xu X, Odeny D A, Liu X. 2019. Draft genome sequence of *Solanum aethiopicum* provides insights into disease resistance, drought tolerance, and the evolution of the genome. *GigaScience*, 8: 1–16.
- Tian S Y, Li L J, Wei M, Yang F J. 2019. Genome-wide analysis of basic helix-loop helix superfamily members related to anthocyanin biosynthesis in eggplant (*Solanum melongena* L.). *PeerJ*, 7: e7768.
- Xiao X O, Lin W Q, Li K, Feng X F, Jin H, Zou H F. 2019. Genome-wide analysis of artificial mutations induced by ethyl methanesulfonate in the eggplant (*Solanum melongena* L.). *Genes*, 10: 595.
- Wang J L, Hu H J, Wang W L, Wei Q Z, Hu T H, Bao C L. 2020. Genome-wide identification and functional characterization of the heat shock factor family in eggplant (*Solanum melongena* L.) under abiotic stress conditions. *Plants-Basel*, 9: 915.
- Wei Q Z, Wang J L, Wang W H, Hu T H, Hu H J, Bao C L. 2020a. A high-quality chromosome-level genome assembly reveals genetics for important traits in eggplant. *Horticulture Research*, 7: 153.
- Wei Q Z, Wang W H, Hu T H, Hu H J, Wang J L, Bao C L. 2020b. Construction of a SNP-based genetic map using SLAF-seq and QTL analysis of morphological traits in eggplant. *Frontiers in Genetics*, 11: 178.
- Wu X X, Zhang S M, Liu X H, Shang J, Zhang A D, Zhu Z W, Zha D S. 2020. Chalcone synthase (CHS) family members analysis from eggplant (*Solanum melongena* L.) in the flavonoid biosynthetic pathway and expression patterns in response to heat stress. *PLoS One*, 15 (4): e0226537.
- Yang Y, Bao S Y, Zhou X H, Liu J, Zhuang Y. 2018. The key genes and pathways related to male sterility of eggplant revealed by comparative transcriptome analysis. *BMC Plant Biology*, 18: 209.
- Zhang S M, Zhang A D, Wu X X, Zhu Z W, Yang Z F, Zhu Y L, Zha D S. 2019. Transcriptome analysis revealed expression of genes related to anthocyanin biosynthesis in eggplant (*Solanum melongena* L.) under high-temperature stress. *BMC Plant Biology*, 19: 387.
- Zhang A D, Zhu Z W, Shang J, Zhang S M, Shen H B, Wu X X, Zha D S. 2020a. Transcriptome profiling and gene expression analyses of eggplant (*Solanum melongena* L.) under heat stress. *PLoS One*, 15 (8): e0236980.
- Zhang S W, Yuan C, An L Y, Niu Y, Song M, Tang Q L, Wei D Y, Tian S B, Wang Y Q, Yang Y, Wang Z M. 2020b. *SmCOII* affects anther dehiscence in a male-sterile *Solanum melongena* line. *Plant Biotechnology*, 37: 1–8.
- Zhou L, Li J, He Y J, Liu Y, Chen H Y. 2018. Functional characterization of *SmCBF* genes involved in abiotic stress response in eggplant (*Solanum melongena*). *Scientia Horticulturae*, 233: 14–21.
- Zhou L, He Y J, Li J, Liu Y, Chen H Y. 2020. CBFs function in anthocyanin biosynthesis by interacting with MYB113 in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Plant and Cell Physiology*, 61 (2): 416–426.

Research Progress on Eggplant Genetic Breeding During ‘The 13th Five-Year Plan’ Period

LIU Fuzhong¹, SHU Jinshuai¹, ZHANG Ying¹, CHEN Yuhui¹, LIAN Yong¹, TIAN Shibing²

(¹*Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China*; ²*Institute of Vegetables and Flowers, Chongqing Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 400716, China*)

Abstract: During ‘The 13th Five-Year Plan’ period, important research progress has been made in eggplant genetic breeding in China. A number of excellent eggplant new germplasm and breeding material has been selected and created, a lot of new eggplant varieties with different ecological types were cultivated to meet the needs of market consumption. Studies on the whole genome sequencing of eggplant have reached the advanced international level. This paper systematically summarized the great progress made during ‘The 13th Five-Year Plan’ period (2016—2020) in applying basic research, breeding technology, germplasm innovation and new variety selective breeding of eggplant. The paper also analyzed the major existing problems and explored the future development direction.

Keywords: eggplant (*Solanum melongena* L.); genetic breeding; breeding technique; new variety; review