
象腿蕉染色体级别基因组组装研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18277.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

象腿蕉（*Ensete glaucum*

）是芭蕉科中耐寒的蕉类植物，原产于中国云南和东南亚地区，具有观赏、饲用和药用价值。中国科学院华南植物园教授John Seymour Heslop Harrison带领的研究团队，采用单分子纳米孔、Illumina测序策略，结合染色体构像捕获技术，发表了首个象腿蕉染色体级别的基因组序列，长度为481.5 Mbp，完整性较高（BUSCO 98.3%）

，注释获得36,836个编码基因，重复序列约占基因组的55%。象腿蕉与芭蕉属（*Musa*

）代表物种的比较基因组学研究表明，象腿蕉的长末端重复序列的组成及其插入时间，与芭蕉科其他物种均有差异，芭蕉属比象腿蕉属有更多Copia，象腿蕉LTR插入时间（峰值3.5-5 Mya）比芭蕉属物种（峰值2 Mya）更古老；发现芭蕉科在9和11染色体基数进化过程中复杂多样的染色体重组事件。该成果为蕉类作物保育和改良提供重要的基因组资源。

相关研究成果以A chromosome-level reference genome of *Ensete glaucum* gives insight into diversity and chromosomal and repetitive sequence evolution in the

Musaceae为题，发表在Gigascience

上。研究工作得到华南植物园海外知名学者项目、国家自然科学基金、广东省基础与应用基础研究基金的支持。法国农业科学中心科研人员参与研究。

[论文链接](#)

研究团队单位：华南植物园

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](#)转发