

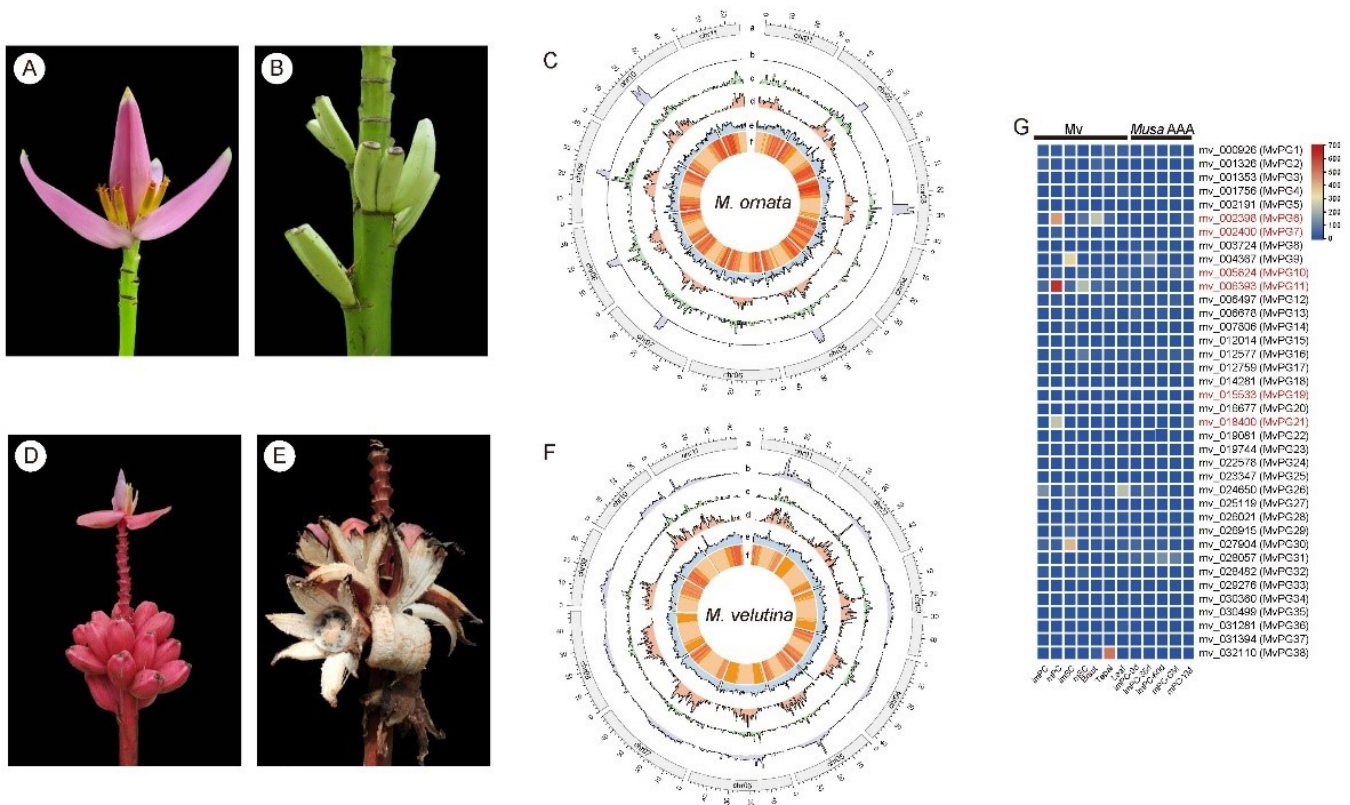
# 学者发表紫苞芭蕉和朝天蕉首个染色体水平基因组

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27613.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！

学者发表紫苞芭蕉和朝天蕉首个染色体水平基因组。近日，中国科学院华南植物园副研究员黄慧润、研究员王峥峰团队在国家自然科学基金项目的资助下，研究结合Oxford Nanopore和Hi-C测序技术成功组装并发表了紫苞芭蕉和朝天蕉的首个染色体水平基因组。相关成果在线发表于《园艺研究》（Horticulture Research）。



紫苞芭蕉和朝天蕉的花果、基因组信息及PG基因在不同组织中的表达水平。研究团队供图

论文第一作者、中国科学院华南植物园植物科学研究中心博士后肖天文表示，芭蕉属包含70多个物种，广泛分布于亚洲和大洋洲的热带、亚热带地区。其中，小果野蕉及其与芭蕉属其它物种杂交产生的后代构成了当今多种多样的香蕉栽培品种；而玫瑰红蕉、阿希蕉、紫苞芭蕉和朝天蕉等则是热带地区重要的园艺观赏植物。

随着三代测序技术的不断发展，越来越多的高质量植物基因组得以发表，这大大促进了作物育种

和园艺植物的改良。虽然芭蕉属具有重要的经济价值，但是目前园艺观赏植物、香蕉栽培品种及其野生近缘物种的基因组资源仍然十分匮乏，影响了后续生物学性状解析和基因功能研究。

紫苞芭蕉和朝天蕉的基因组大小分别为427.85 Mb和478.10 Mb，contig N50分别为12.88 Mb和18.18 Mb，BUSCO指数分别为98.08%和98.51%，Illumina读长比对率分别为95.55%和94.29%，序列均挂载到11条染色体上。紫苞芭蕉和朝天蕉的基因组中，重复序列占比分别为46.70%和50.91%。基因注释结果显示，紫苞芭蕉和朝天蕉分别含有39177和31256个蛋白质编码基因，781和990个tRNA。基因组共线性结果显示sect. Musa内物种间的共线性良好，但是相比于小果野蕉和朝天蕉，紫苞芭蕉的chr04存在大片段倒置和易位。

该研究对朝天蕉未成熟和成熟开裂的果皮进行了转录组测序，随后的差异表达基因分析和GO富集分析表明成熟果皮中的上调基因主要与细胞壁和细胞外区域的糖类代谢有关。多聚半乳糖醛酸酶基因家族（PG）表达水平分析表明，朝天蕉的MvPG6、MvPG11和MvPG21等多聚半乳糖醛酸酶基因在成熟果皮中表达水平明显高于其它组织，这些多聚半乳糖醛酸酶基因的高表达可能导致了朝天蕉果皮开裂。此外，研究还鉴定了与紫苞芭蕉和朝天蕉果皮和苞片着色有关的花青素合成通路中的关键基因。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/hr/uhae079>

作者：肖天文等 来源：《园艺研究》

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](https://www.iikx.com)转发