
香蕉的千万年“族谱”被揭开了！

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/41793.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！

香蕉的千万年“族谱”被揭开了！。

你每天吃到的香蕉（*Musasp.*），可能正站在一场无声危机的十字路口。

作为全球超过4亿人的重要食物来源，香蕉是热带与亚热带地区最具经济价值的水果之一。但你可能不知道，超市货架上超过一半的香蕉，几乎都是同一个无性繁殖品种——卡文迪什（Cavendish AAA）的后代。它依赖营养繁殖，每一株都是母体的复制品，遗传基础高度一致，多样性极为匮乏。

这个庞大的克隆军团一旦遭遇香蕉枯萎病热带4号生理小种（Foc – TR4）等毁灭性病害，就可能面临灭顶之灾。这种被称为香蕉癌症的土传真菌，可在土壤中存活数十年，正从东南亚向全球主产区蔓延，而卡文迪什品种对其几乎毫无抵抗力。

如何破局？答案可能藏在香蕉的野生亲戚里。芭蕉科（*Musaceae*）现存约80个物种，它们长期适应严苛的自然环境，蕴藏着抗病、抗逆等宝贵遗传资源。然而，这些野生近缘种的演化关系长期模糊不清：不同类群的染色体基数各异（ $n=11$ 、10或9），这些数目如何形成？染色体结构变化与苞片颜色多样化之间是否有关联？这些问题一直缺乏基因组层面的直接证据。



观赏蕉Musa exotica的苞片艳丽多彩。付宁 摄

8月24日，中国科学院华南植物园副研究员王新风、黄慧润团队联合四川大学副研究员孙朋川等科研人员在《当代生物学》（*Current Biology*）上发表了一项重要研究。他们首次重建了芭蕉科的祖先核型，从染色体层面系统揭示了该类群的演化轨迹，并发现染色体结构变异与苞片颜色表型分化之间存在密切关联。

一本无缺页的基因天书

这项研究的基石，是一项基因组学的前沿技术——端粒到端粒（T2T）基因组组装。

如果将基因组比作一本记录生命全部遗传指令的百科全书，过去的技术如同老式扫描仪，总会在染色体末端（端粒）和复杂重复区域留下模糊甚至空白的页面。论文共同通讯作者王新风告诉《中国科学报》，而T2T基因组组装实现了从头到尾的完整读取，没有任何缺失。

研究团队选取了一个关键物种——*Musa exotica*（一种早期分化的野生观赏蕉，分布在我国广西南部及越南北部），完成了其T2T基因组的组装，contig N50达到47.41 Mb。这一指标意味着基因组片段高度连续、完整，好比以往只能拼接出几米长的碎片，如今拼出了几十公里长的连续路段，整条基因长城的每一处都清晰可辨。

高质量T2T基因组是本研究的重要基础。论文共同通讯作者黄慧润告诉《中国科学报》，该基因组为芭蕉科不同物种之间的染色体结构比较提供了可靠的参考，也支撑了后续祖先核型重建和系统比较分析。

有了这把高清标尺，团队着手进行更具挑战性的工作——重建整个芭蕉科的祖先核型。

一部染色体的缩编史

挖掘和利用香蕉野生近缘种的优异遗传资源，是拓展香蕉遗传基础、推动品种改良的重要途径。论文共同第一作者、中国科学院华南植物园已毕业博士生付宁表示，要充分利用这些资源，首先需要厘清芭蕉科的染色体族谱——祖先的染色体是什么样，又经历了怎样的演化。

核型，即一个物种染色体组的完整合影——数量、大小、形态一目了然。祖先核型则相当于所有现代物种共同祖先的染色体全家福。

芭蕉科现存物种的染色体数目差异显著：有的含11对，有的10对，有的仅9对。这些数字差异是随机演变，还是遵循某种演化规律？

研究团队通过比较*Musa exotica*与多个已有基因组的精细结构，像拼合一幅巨型演化拼图，逐步还原出芭蕉科祖先的面貌。结果令人意外：芭蕉科祖先的单倍体染色体数应为 $n=17$ 。也就是说，今天所有染色体数目各异的芭蕉科物种，均源自同一个拥有17对染色体的共同祖先。

从17到11、10、9，这一过程如何发生？研究揭示了一条逐步缩编的清晰路径——并非一次性骤减，而是经由多种染色体重排事件有序推进：端到端连接（两条染色体末端融合）、嵌套染色体融合（一条染色体整体插入另一条内部）和相互易位（染色体片段交换）等。这些事件不断重塑染色体结构，使不同演化支系的染色体数目逐步减少。

值得关注的是，这一基于染色体结构推演的演化路径，与基于DNA序列构建的分子系统发育关

系高度一致。两种独立证据指向同一棵家族树，为芭蕉科各类群间的演化关系提供了可靠的细胞生物学证据。

祖先核型为比较不同物种的染色体结构、推断演化轨迹提供了客观依据，也让我们看清了野生近缘种所保留的遗传信息及其利用价值。论文共同第一作者孙朋川表示。

染色体拆迁与苞片颜色装修

染色体数目演化的谜底揭开后，团队进一步追问：染色体重排是否影响了苞片颜色的多样性？

芭蕉科植物的苞片色彩极为丰富——从鲜艳的红色、橙红色、粉红色到暗淡的颜色，差异显著。*Musa exotica*本身即以亮（橙）红色苞片著称。这些颜色差异不仅关乎观赏价值，也是分类和育种的重要依据。

研究团队在染色体断裂-融合的境界域发现了重要线索：这些区域显著富集花青素生物合成相关基因。花青素是赋予苞片红、紫、蓝色泽的天然色素。在这些断裂热点上，不仅分布着查尔酮合成酶（CHS）、黄烷酮3-羟化酶（F3H）等结构基因，还聚集了MYB、bHLH等转录调控因子。

进一步通过对不同颜色花苞的转录组比较分析发现：花青素合成通路中CHS、CHI、F3'5'H、ANS等关键基因的表达差异，主要源于转录调控水平的强弱，而非基因拷贝数的多寡。也就是说，不同颜色苞片的差异不在于生产工厂的数量，而在于调度员下达指令的强度。

染色体车厢重组恰好重新排布了调度员与工厂的相对位置——有些被搬到了新街区，有些换了邻居。这种基因居住环境的改变，可能重塑了整个调控网络，为苞片颜色的表型分化提供了遗传基础。

黄慧润指出，该研究揭示了染色体结构变异与苞片颜色表型分化之间的联系，为理解观赏蕉花部性状的遗传基础提供了新视角，也为利用基因组信息开展性状改良提供了新线索。

从祖先密码走向育种密码

这项基础研究的意义远不止厘清香蕉的家族历史，它为育种应用开辟了实实在在的路径。王新风对《中国科学报》说。

首先，它为全球香蕉抗病育种提供了一张导航图。有了祖先核型作为参照，科学家可以精准比较各野生种与卡文迪什之间的染色体结构差异，为进一步挖掘抗Foc-TR4等病害的优异遗传资源提供线索，也为后续杂交育种或基因编辑指明方向。

其次，它为观赏蕉分子育种打开了新窗口。苞片颜色是观赏蕉的核心商业性状，理解染色体结构变化如何影响花色调控网络，生物学家便能更有针对性地开展性状改良。

最后，从演化生物学视角看，它提供了一个系统的案例——植物如何通过染色体的断裂、融合与重排，在数千万年间化繁为简，从17对逐步缩减至9对，同时衍生出丰富多样的表型。这是自然选择在基因组尺度上的精妙雕琢。

记者了解到，今年3月，研究团队在《自然-通讯》发表了从野生资源中筛选出高抗Foc – TR4的Musa cheesmanii，并成功与栽培种杂交获得兼具抗病性和优良果实品质的新种质‘ Haijiao No.1 ’。这进一步印证了，对野生近缘种基因组资源的系统解析，不仅能揭示演化历史，也能直接服务于优异种质挖掘和育种利用。

从解锁芭蕉科的祖先密码，到挖掘野生近缘种中的育种密码，这些研究不仅为理解芭蕉科基因组演化历史与重要性状形成机制提供了全新视角，也为野生资源的保护利用与香蕉遗传改良开辟了新路径。

下一次当你剥开一根香蕉，不妨想一想：这根甜美的果实背后，埋藏着一部跨越千万年的染色体缩编史诗，一场人类与植物病害的紧迫竞速，以及科研人员在复杂、重复的基因组天书中破译出的又一批关键密码。而这份解读，才刚刚开始。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cub.2026.07.071>

<https://doi.org/10.1038/s41467-026-70186-9>

作者：王新风等 来源：《当代生物学》

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