
研究揭示芭蕉科染色体演化机制与花苞着色遗传基础

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/41877.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！

研究揭示芭蕉科染色体演化机制与花苞着色遗传基础

。现代主栽香蕉品种高度依赖营养繁殖，存在遗传基础狭窄、遗传多样性低等问题。芭蕉科现存约80个物种，不同类群在染色体基数（如 $n=11$ 、10和9）以及花苞颜色等性状上呈现多样性，是研究植物染色体结构演化和花器官性状分化的理想类群。然而，这些不同染色体基数的演化形成机制、染色体结构变异与花苞颜色分化的内在关联，长期以来缺乏基因组与细胞遗传学层面的直接证据。

近日，中国科学院华南植物园科研团队对芭蕉科早期分化的观赏蕉种 *Musa exotica* 开展端粒到端粒（T2T）基因组组装，获得了高质量的完整基因组，其contig N50达到47.41 Mb。结合已有芭蕉科物种基因组，研究团队开展了系统的比较基因组分析，重建了芭蕉科祖先核型（AMK），推断其祖先单倍体染色体数为 $n=17$ 。

祖先核型重建结果

揭示了芭蕉科染色体数目递减的演化

轨迹。研究证实，现存 $n=11$ 、 $n=10$ 和 n

$=9$ 的染色体组并非独立形成，而是经历了端粒连接、嵌套融合和相互易位等多种染色体重排事件，由祖先的 n

$=17$ 染色体组逐步演化而来。这一演化路径与基于DNA序列构建的系统发育关系高度一致，从染色体结构层面为理解芭蕉科不同类群之间的演化关系提供了新证据。

在揭示染色体演化轨迹的基础上，团队进一步探究了染色体结构变化与花苞颜色分化之间的潜在联系。研究发现，染色体重排相关断裂区域富集花青素生物合成相关基因及其调控因子，包括chalcone synthase（*CHS*）、flavanone

3-hydroxylase（*F3H*

）等结构基因，以及MYB、bHLH等转录因子。结合不同颜色花苞的转录组分析发现，花青素合成途径中的*CHS*、*CHI*、*F3'5'H*和*ANS*

等关键基因呈现协同表达，其表达差异主要与转录调控有关，而非简单的基因拷贝数变化。研究结果表明，染色体结构演化或通过重塑基因组环境和调控网络，为花苞颜色的表型分化提供遗传基础。

该研究构建了芭蕉科祖先核型，为理解芭蕉科染色体数目的逐步演化提供了新的基因组学证据，

并将染色体结构演化与花苞颜色分化联系起来，为解析观赏蕉花色性状的遗传调控机制以及野生芭蕉种质资源的利用提供了新的研究思路。

相关研究成果发表在《当代生物学》（*Current Biology*）上。

[论文链接](#)



芭蕉科祖先核型（AMK， $n = 17$ ）的重建及其向现存 $n = 11$ 、 10 、和 9 染色体组逐步演化的轨迹

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](https://www.iikx.com)转发